

- Thèse présentée pour obtenir le grade de
- Docteur de l'Université Louis Pasteur
-
- Strasbourg 1
-
-
- Discipline : Sciences de la Terre et de
- l'Univers
- par Annelise Tran ▪

Titre

Téledétection et Épidémiologie : Modélisation de la dynamique de populations d'insectes et application au contrôle de maladies à transmission vectorielle

Soutenue publiquement le 19 novembre 2004 ▪

Membres du jury ▪

Directeur de Thèse :	M. Marcel Raffy	Université Louis Pasteur
Co-directeur de Thèse :	M. Laurent Polidori	Institut de Recherche pour le Développement
Rapporteur Interne :	M. Jan Dušek	Université Louis Pasteur
Rapporteur Externe :	M. Emmanuel Camus	Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement
Rapporteur Externe :	M. Paul Reiter	Institut Pasteur
Examineur :	M. Xavier Deparis	Institut Pasteur

Avant-propos

Cette thèse de doctorat a été financée successivement par le Ministère de la Recherche, dans le cadre du projet "Surveillance Spatiale de la Dengue" du RNTS¹ ; par le CNES² dans le cadre de son programme d'Aide à la Recherche ; et enfin par le CIRAD³ où j'ai été recrutée durant la thèse, au sein d'une équipe qui m'a laissé le temps et les moyens de terminer la rédaction du mémoire.

Le travail de thèse a été réalisé au Laboratoire Régional de Télédétection (LRT), rattaché à l'unité ESPACE de l'Institut de Recherche pour le Développement (IRD), en Guyane.

Entre des études d'ingénieur généraliste à l'École Nationale Supérieure de Physique de Strasbourg avec un DEA "Photonique et Image", et un recrutement au Département d'Élevage et Médecine Vétérinaire du CIRAD pour travailler sur les applications de la télédétection à l'épidémiologie des maladies animales, le chemin n'est pas forcément immédiat.

Je voudrais remercier ici toutes les personnes qui ont, de près ou de loin, contribué à ce que je trouve cette voie.

En premier lieu, mes remerciements vont à Marcel Raffy, qui a accepté de diriger ce travail et qui s'est pris au jeu de la modélisation des moustiques. Malgré la difficulté d'un travail à distance, ce travail ensemble a rendu la construction de cette thèse passionnante et m'a apporté énormément.

C'est avec beaucoup de reconnaissance que je remercie les membres du Jury :

Les rapporteurs, M. Emmanuel Camus (CIRAD-Emvt), M. Jan Dušek (Institut de Mécanique des Fluides et des Solides) et M. Paul Reiter (Institut Pasteur - Unité Insectes et Maladies Infectieuses) ;

Les examinateurs, M. Xavier Deparis (Institut Pasteur de la Guyane, Laboratoire d'Épidémiologie) et M. Laurent Polidori (IRD, LRT).

Le caractère pluridisciplinaire d'un tel jury est très important pour moi, et je remercie ses membres pour leurs contributions complémentaires.

Différentes personnes m'ont permis de réaliser ce travail :

En particulier, Laurent Polidori. Merci pour l'attention que tu as porté à ce travail, ton soutien infaillible, malgré les difficultés, et toutes tes remarques toujours très pertinentes.

¹Réseau National des Technologies pour la Santé

²Centre National d'Études Spatiales

³Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement

Jacques Gardon, épidémiologiste à l'Institut Pasteur au début de la thèse, et qui a eu la patience de m'expliquer les bases de l'épidémiologie.

Je voudrais remercier également tous mes collègues de l'Institut Pasteur de la Guyane (IPG), en particulier Xavier Deparis, Patrick Rabarison et Philippe Dussart, qui ont toujours pris le temps de répondre à mes questions, respectivement, en épidémiologie, entomologie et virologie. Je remercie également Jacques Sarthou et Jacques Morvan, ancien et actuel directeurs de l'Institut Pasteur en Guyane, qui ont encouragé ce travail et m'ont accueilli dans les locaux de l'IPG, ainsi que Florence Fouque, Romuald Carinci, Jean-Michel Héraud et Pierre Cochou. Merci aussi à Bhéty Labeau, Josiane Lelarge, Séverine Matheus et Julie Vandekerckhove du Laboratoire de Virologie, Centre de Référence des Arbovirus.

De nombreux acteurs de la santé en Guyane m'ont apporté leur aide à différents moments :

Tout d'abord les personnes du Service Départemental de Désinfection de Guyane, en particulier Cathy Venturin, Roland Horth, Alex Cebret, Marc Thouvenot, Marcel Chicot et Alain Dorilas.

Les médecins qui ont participé à ce travail, en particulier Franck Remy, du Centre de Santé d'Iracoubo, qui a rendu possible l'étude menée sur Iracoubo et Alain Bouix, médecin praticien à Kourou, président de l'Union Régionale des Médecins Libéraux (URML) de la Guyane, brillant informaticien. Merci encore.

A la DSDS : Benoît Cottrelle et Pierre Huguet.

A la direction des centres de santé : Félix Djossou et Léonne Agélas.

J'ai bénéficié tout au long de ce travail du soutien de l'IRD : je remercie ici Frédéric Huynh et Georges-Henri Sala pour l'accueil, respectivement à l'US Espace et au centre IRD de Guyane. Je remercie aussi Monique Martiny et Isabelle Pellissier qui ont souvent fait le nécessaire pour que mes CDD s'enchaînent au mieux.

Je remercie ici Antonio Güell du CNES, pour l'Aide à la Recherche qui a permis de financer une partie de la thèse.

Pour leur soutien scientifique à distance, je remercie à l'IRD Jean-François Guégan, Philippe Barbazan, Sylvie Manguin et Pierre Carnevale.

Pour leur soutien au jour le jour et leur amitié je remercie tous mes anciens collègues du LRT et de l'IRD-Guyane, en particulier Jérôme Bernard, Antoine Gardel, Vanina Guernier et Christophe Proisy qui m'ont beaucoup aidée. Merci également à Jean-François Faure, de Belém.

Plus récemment, j'ai été soutenue par ma nouvelle équipe du CIRAD et celle de la Maison de la Télédétection, qui ont permis que cette thèse s'achève dans de bonnes conditions : je remercie particulièrement François Roger, François Monicat, Agnès Bégué et Hélène Guis.

Pour leur accueil chaleureux lors de tous mes passages à Strasbourg, je voudrais dire merci à Stéphane et Kita (et Joshua), ainsi qu'à la famille Raffy.

Je remercie bien sûr tous mes proches, qui ont suivi de près ou de loin le déroulement de la thèse... Merci surtout à celui qui l'a suivie de très près. Merci, Gaël...

Enfin, un merci discret à tous ceux qui un jour, en Guyane ou ailleurs, ont prêté une oreille attentive ou amusée à mes "histoires de dengue".

Table des matières

Table des figures	ix
Liste des tableaux	xiii
Introduction	1
I État de l'art	5
1 Applications de la télédétection à l'épidémiologie	9
1 Introduction	9
2 Problématique	10
2.1 Point de départ	10
2.2 Objectifs	11
3 Les données	12
3.1 Les produits dérivés des images	12
3.2 Les données sur la distribution de la maladie	14
4 Les méthodes	15
4.1 Méthodes de cartographie du risque épidémiologique	15
4.2 Méthodes statistiques	16
4.3 Méthodes de validation	17
5 Apport des Systèmes d'Information Géographique	17
5.1 Présentation de l'outil SIG	17
5.2 Exemples d'application en épidémiologie	17
6 Les limites	18
6.1 Limites d'ordre technique	18
6.2 Limites d'ordre méthodologique	18
7 Conclusion	19
2 Modélisation de la dimension spatiale des maladies infectieuses	21
1 Introduction	21
2 Les modèles épidémiologiques en "compartiments"	22
2.1 Description générale	22
2.2 Questions d'échelle	23
2.3 Quelques exemples d'applications	24
3 Les modèles intégrant la dimension spatiale	24

3.1	Modèles en boîtes	25
3.2	Modèles en espace continu	26
4	Les limites	26
4.1	Limites d'ordre méthodologique	27
4.2	Limites d'ordre technique	28
5	Conclusion	28
3	Epidémiologie et modélisation de la dengue	29
1	Epidémiologie de la dengue	29
1.1	Généralités	29
1.2	Situation de la dengue dans le monde	29
1.3	Le cycle de la dengue	30
1.4	Le principal vecteur, <i>Aedes aegypti</i>	30
1.5	Le diagnostic	32
1.6	Les techniques de lutte	32
2	Influence des facteurs environnementaux	32
2.1	Environnement naturel	33
2.2	Environnement humain	34
3	Utilisation des outils géomatiques pour la surveillance et l'étude de la dengue	35
3.1	Utilisation de photographies aériennes pour la détection des gîtes larvaires	35
3.2	Établissement de cartes de risque en Argentine	35
4	Modélisation de la dynamique de la dengue	36
5	Conclusion	36
	Conclusion de la première partie	37
II	La dengue en Guyane	39
4	Contexte - Circulation de la dengue en Guyane à l'échelle régionale	43
1	Contexte	43
1.1	Contexte géographique	43
1.2	Situation épidémiologique	43
1.3	Cas de la dengue	44
1.4	Organisation de la lutte	45
2	Description de la circulation de la dengue à l'échelle régionale	46
2.1	Données épidémiologiques	46
2.2	Dynamique spatiale et temporelle de la dengue à l'échelle régionale	47
3	Conclusion	51

5	Etude de cas - Circulation de la dengue à l'échelle locale. Cas de la commune d'Iracoubo	53
1	Contexte	53
1.1	Site de l'étude	53
1.2	Données épidémiologiques	53
1.3	Intégration dans un SIG	55
2	Description de l'épidémie	55
2.1	Évolution temporelle de l'épidémie	55
2.2	Évolution spatiale de l'épidémie	56
3	Analyse de la dynamique de l'épidémie	56
3.1	Méthode	57
3.2	Résultats	58
3.3	Discussion	59
4	Conclusion	61
	Conclusion de la deuxième partie	62
III	Modélisation de la dynamique de la dengue à partir de données environnementales	65
6	Modélisation de la diffusion des insectes	69
1	Introduction	69
2	Modèle général de diffusion	70
2.1	Objectifs	70
2.2	Équation de conservation	70
2.3	Loi de Fick (ou Fourier)	72
2.4	Équation de diffusion	73
3	Validité de l'équation de diffusion	74
3.1	Échelles spatiale et temporelle appropriées pour modéliser la diffusion des insectes	75
3.2	Ordre de grandeur du coefficient de diffusivité	77
4	Retour à l'équation de diffusion des insectes	79
4.1	Phénomène de transport (advection)	79
4.2	Forces attractives et répulsives	80
4.3	Rugosité du paysage	80
4.4	Nouvelle équation de diffusion	81
5	Conclusion	81
7	Méthodes pour l'estimation des paramètres du modèle de diffusion des insectes	83
1	Introduction	83
2	Les données	84
2.1	Données de télédétection	84
2.2	Données météorologiques	85
2.3	Données de terrain	85

3	Calcul des tenseurs (D_R et D_W)	85
3.1	Classification d'une image multispectrale	85
3.2	Calcul des tenseurs sur les zones de paysages naturels	86
3.3	Calcul des tenseurs sur les zones de paysages urbains	91
4	Forces d'attraction (H et K_H)	92
4.1	Champ d'attraction H	93
4.2	Coefficient d'attraction K_H	94
4.3	Exemple	95
5	Conclusion	95
8	Modélisation de la dynamique spatio-temporelle de la dengue	97
1	Introduction	97
2	Population des vecteurs : adaptation du modèle précédent à <i>Aedes aegypti</i>	97
2.1	Rappel de l'équation de diffusion	97
2.2	Sources	98
2.3	Puits	98
2.4	Tenseur de diffusivité	98
3	Introduction d'un virus	99
3.1	Vecteurs	99
3.2	Hôtes	103
3.3	Résolution	104
4	Discussion	104
4.1	Les déplacements des personnes	105
4.2	Influence des paramètres environnementaux comme la température, les précipitations, l'humidité sur les populations de vecteurs	105
4.3	Immunité des populations hôtes	106
4.4	Pratiques locales	106
5	Conclusion	106
9	Résolution numérique et simulations	109
1	La résolution du système	109
1.1	Résolution numérique de l'équation de diffusion	109
1.2	Calcul du processus épidémique	111
2	Simulation de la diffusion des insectes	112
3	Simulation d'un processus épidémique	114
3.1	Description	114
3.2	Résultats	114
4	Conclusion	116

Conclusion de la troisième partie 117**IV Applications 119****10 Estimation des paramètres du modèle - cas de la dengue en Guyane 123**

1	Introduction	123
2	Paramètres extraits des données de télédétection	124
2.1	Calcul des tenseurs D_R et D_W	125
2.2	Forces d'attraction (H et K_H)	125
2.3	Localisation des gîtes larvaires ($\alpha(\Omega)$)	125
3	Données météorologiques	131
3.1	Vent (W)	131
3.2	Autres données	132
4	Connaissances de l'écologie d' <i>Aedes aegypti</i> et des caractéristiques de la transmission	133
4.1	Variation de la production des gîtes larvaires ($\alpha(t)$)	133
4.2	Mortalité ($\beta(\rho, \Omega, t)$)	134
4.3	Durées d'incubation (τ_{EIP} , τ_{IIP} , τ_{VV})	134
4.4	Durée de développement du moustique (τ_E)	135
4.5	Taux de transmission (τ_{HV} , τ_{VH} , τ_{VV})	135
4.6	Nombre de piqûres (N_B)	135
5	Paramètres issus de la surveillance de la dengue	135
5.1	Localisation des sources ($\alpha(\Omega)$) par des relevés de terrain	135
5.2	Conditions initiales	136
6	Conclusion	138

11 Simulation de la diffusion d'insectes vecteurs 141

1	Introduction	141
2	Simulation de la dynamique des populations d' <i>Aedes</i> - Commune d'Iracoubo	142
2.1	Données du modèle	142
2.2	Méthode de validation partielle	143
2.3	Discussion	145
3	Simulation de la dynamique des populations d' <i>Aedes</i> - Cas de l'Île de Cayenne	145
3.1	Données du modèle	145
3.2	Simulations	146
3.3	Discussion	148
4	Simulation de la dynamique de moucheron <i>Culicoides</i> dans un paysage rural	149
4.1	Contexte	149
4.2	Méthode	150
4.3	Résultats	151
4.4	Discussion	153
5	Discussion sur le caractère générique du modèle de diffusion	154
6	Conclusion	156

12	Simulation de la dynamique d'une épidémie de dengue	157
1	Données du modèle	157
2	Validation partielle	158
2.1	Les déplacements des personnes	158
2.2	Dynamique temporelle	159
2.3	Dynamique spatiale	160
3	Discussion	161
3.1	L'importance des déplacements humains	161
3.2	Intérêt du modèle de la dynamique de la dengue	162
3.3	Limites	163
4	Perspectives	163
4.1	Caractère générique du modèle de la dynamique de la dengue	163
4.2	Application du modèle à d'autres maladies à transmission vec- torielle	164
5	Conclusion	164
	 Conclusion de la quatrième partie	 166
V	Conclusions et perspectives en santé publique	169
1	Les enjeux	171
1.1	Le coût de la dengue	171
1.2	Le risque	172
2	Propositions pour un système de surveillance de la dengue intégrant les outils géomatiques	172
2.1	Schéma général	172
2.2	Recueil des données	173
2.3	Analyse	175
2.4	Modélisation	176
2.5	Applications	178
3	Réflexions sur la rentabilité d'un tel système de surveillance	179
3.1	L'analyse économique comme aide à la décision en santé	180
3.2	Le cas du projet S2Dengue	180
4	Perspectives	182
4.1	Applications à d'autres pathologies	182
4.2	Rappel des limites du modèle	182
4.3	Recherches futures	183
5	Conclusion	184
	 Références	 185
	 Glossaire	 195

Table des figures

3.1	Répartition globale de la dengue dans le monde, 1975-1996 (source : Organisation Mondiale de la Santé, 1997)	30
3.2	Représentation schématique du cycle de transmission de la dengue . .	31
4.1	La Guyane : limites administratives	44
4.2	Les différents sérotypes du virus de la Dengue isolés en Guyane depuis 1986 (source : Centre National de Référence des Arbovirus, Institut Pasteur de la Guyane)	45
4.3	Nombre de cas confirmés (isolement du virus) entre 1992 et 2003 en Guyane : communes de Cayenne, Rémire-Montjoly, Matoury, Macouria-Tonate, Kourou, St-Laurent du Maroni, St-Georges et Iracoubo (Source : CNR Institut Pasteur de la Guyane)	48
4.4	Fonctions d'auto-corrélation temporelle pour les sérotypes de dengue -1, -2, -3 et -4 sur l'Île de Cayenne. Les flèches en rouge indiquent la deuxième "vague épidémique".	50
5.1	Localisation du village d'Iracoubo (Fonds : image Landsat TM, copyright USGS)	54
5.2	Nombre hebdomadaire de cas de dengue (suspects et confirmés), commune d'Iracoubo, Avril-Novembre 2001	56
5.3	Répartition des cas de dengue dans le centre d'Iracoubo : semaines 3, 6, 9 et 12.	57
5.4	Représentation de l'indice de risque relatif (RR), calculé à partir des cas confirmés de dengue à Iracoubo. Cet indice évalue le risque d'occurrence d'un deuxième cas de dengue en fonction de la distance temporelle t_0 (en jours) et spatiale s_0 (en mètres) à un premier cas théorique. (a) : variations de RR pour $t_0 \in [0; 60]$ et $s_0 \in [0; 500]$. (b) : détail de (a) pour $t_0 \in [0; 30]$ et $s_0 \in [0; 100]$. Extrait de [Tran <i>et al.</i> , 2004].	59
6.1	Représentation schématique du volume élémentaire V pour l'écriture des équations de conservation et de diffusion	71
6.2	Valeurs du rapport $(r/L)^2(1/\tau)$ (6.14) en fonction des échelles spatiale (L) et temporelle (T), pour $r=0,3$ m et $\tau =1$ sec. La valeur du rapport (6.14) pour le cas du processus de diffusion stellaire est indiquée comme référence.	76

7.1	Scène SPOT de la région de Cayenne et exemple de classification (image SPOT-5 / Programme ISIS, copyright : CNES (2003), distribution Spotimage).	87
7.2	Extrait d'une image SPOT-XS. Iracoubo, Guyane, 18/10/2001. Données SPOT / Programme ISIS, ©CNES (2001), distribution Spot Image.	88
7.3	Domaine radiométrique total des luminances (VIS, PIR) de l'image en visible (en abscisse) et proche infrarouge (en ordonnée). Les valeurs de luminances sont normalisées entre des valeurs comprises entre 0 et 255. (Iracoubo 2001)	88
7.4	Domaine radiométrique des luminances (VIS, PIR) des parties "végétation, sols nus et eau" de l'image 7.2 (tiers supérieur de l'image). La droite des sols $L^{PIR} = 0,69 \cdot L^{VIS} - 0,26$ et le domaine de la forêt sont indiqués. Le centre de gravité $L_{veg} = (L_{veg}^{VIS}, L_{veg}^{PIR}) = (45, 153)$. Les valeurs de luminances sont normalisées entre des valeurs comprises entre 0 et 255.	88
7.5	Représentation bi-dimensionnelle du LAI calculé d'après (7.1) sur un extrait de l'image (90x35 pixels) de la figure 7.2. Les pixels sombres correspondent à des valeurs de LAI faibles et les pixels clairs à des valeurs élevées.	89
7.6	Représentation tri-dimensionnelle du LAI calculé sur toute l'image d'après (7.1). Ici le LAI varie entre 0 pour l'eau et 10 pour les zones de forêt dense.	89
7.7	Relation entre le coefficient k_W du tenseur de vent et l'indice foliaire (LAI).	90
7.8	Notations pour le calcul des tenseurs	92
7.9	Classification de photographies aériennes sur Iracoubo	93
7.10	Carte du champ d'attraction H dû à la population humaine.	93
7.11	Effet des forces d'attraction sur le flux des insectes. Les flèches symbolisent le flux des moustiques <i>Aedes</i> , dévié en fonction des forces d'attraction créées par la présence humaine (extrait de l'image sur Iracoubo).	94
7.12	Résultat de la simulation sur Iracoubo : distribution spatiale de la probabilité de présence des vecteurs avec l'effet de la rugosité du paysage et des forces d'attraction (t=90).	95
7.13	Résultat de simulations sur Iracoubo : distribution spatiale de la probabilité de présence des vecteurs avec un coefficient de diffusion constant, sans effet de rugosité, attraction et transport (t=90). . . .	95
9.1	Notations pour le calcul des opérateurs divergence et gradient	110
9.2	Simulation de la dynamique d'une population d'insectes sur un paysage artificiel	113
9.3	Simulation d'un processus épidémique sur un paysage artificiel	115
10.1	Détection des bâtiments par morphologie mathématique à partir de l'image SPOT Panchromatique (extrait de l'image).	129

10.2	Schéma de classification de différents types d'habitat à partir d'une image SPOT-5 sur la région de Cayenne.	129
10.3	Classification du type d'habitat à partir d'une scène SPOT-5. Île de Cayenne, 2003.	130
10.4	Fréquence des vents à Rochambeau en janvier (moyenne 1991/2000) en fonction de leur provenance en %. Extrait de [Groussin, 2001]. . .	131
10.5	Températures (moyennes mensuelles des températures minimale et maximale) mesurées à Cayenne en 2000 (Source : Meteo France). . .	132
10.6	Pluviométrie mensuelle (Source : Meteo France) et production par gîte estimée $\alpha(t)$. Iracoubo, 2001.	132
10.7	Distribution des gîtes larvaires, Iracoubo, 2001 (Source : Service Départemental de Désinfection).	136
10.8	Indice d'immunité des populations par sérotype de dengue en Guyane	138
11.1	Photographie aérienne sur Iracoubo ©IGN 2001.	142
11.2	Exemples de gîtes larvaires extérieurs. Iracoubo, juin 2002.	142
11.3	Résultat de la simulation sur Iracoubo : distribution spatiale de la probabilité de présence des vecteurs ($t=90$).	143
11.4	Résultat de la simulation sur Iracoubo : évolution temporelle de la population totale des moustiques <i>Aedes</i> sur Iracoubo (en bleu). La courbe en vert indique les variations de la pluviométrie dont dépend le terme source $\alpha(t)$. La flèche rouge indique la date des actions de démoustication qui modifient les termes source et puits.	144
11.5	Simulation de la diffusion des moustiques <i>Aedes</i> sur différents quartiers - exemples sur la région de Cayenne ($t=15$ jours).	147
11.6	Simulation : répartition des populations d' <i>Aedes</i> avant (a) et après (b) la pulvérisation d'insecticide (tracé jaune) sur un quartier résidentiel, région de Cayenne.	148
11.7	Paysage rural : photographie aérienne de la région d'Haguenau, Bas-Rhin.	150
11.8	Classification d'un extrait de la figure 11.7 en trois classes de végétation.	150
11.9	Simulation de la diffusion des <i>Culicoides</i> sur un paysage rural.	152
12.1	Résultat de simulations sur Iracoubo : simulation de la dynamique de l'épidémie lorsque les déplacements humains sont pris en compte. Les pixels en rouge sont les pixels où des personnes ont été infectées. . . .	160
12.2	Résultat de simulation sur Iracoubo : évolution temporelle de l'épidémie (semaines 1 à 15. En rouge : nombre réel de cas suspects; en bleu : nombre de cas simulés)	161
12.3	Répartition réelle des cas et des foyers de dengue dans le centre d'Iracoubo	162
12.4	Résultat de simulations sur Iracoubo : localisation des foyers.	162
12.5	Rôle du Système d'Information Géographique dans un projet de surveillance de la dengue en Guyane.	173
12.6	Module de localisation du logiciel métier DOC_teur (copyright : Dr A. Bouix).	174

12.7 Exemples de cartes de "danger" (associé à la densité de gîtes larvaires en fonction du type d'habitat) et "vulnérabilité" (l'âge et la mobilité géographique de la population, la densité de l'habitat sont pris en compte) sur l'Île de Cayenne.	176
12.8 Exemples de cartes de risque de dengue sur l'Île de Cayenne.	177

Liste des tableaux

4.1	Corrélations croisées de l'évolution temporelle des sérotypes de dengue-1, -2, -3, -4 entre différentes communes du littoral guyanais (r^2 est le coefficient de corrélation entre deux séries temporelles).	49
5.1	Résultats des analyses sérologiques; épidémie de dengue, Iracoubo, avril-novembre 2001	54
6.1	Modèle de diffusion : Définition de quelques paramètres utiles et de leur dimension physique	73
6.2	Quelques caractéristiques des capteurs les plus couramment utilisés (domaines optique et thermique)	77
8.1	Modélisation d'une maladie à transmission vectorielle comme la dengue : définition de quelques paramètres utiles, de leur dimension physique et de certaines valeurs typiques	100
10.1	Résumé des paramètres du modèle à définir pour la modélisation de la dengue	124
10.2	Valeurs des coefficients k_R et k_W pour différentes classes d'occupation du sol.	125
10.3	Type de quartiers et relevés entomologiques du SDD sur la région de Cayenne (17 secteurs, années 1999, 2000, 2001, 2002)	126
10.4	Caractéristiques d'une image SPOT-5 et extraits sur Cayenne (image du 29/08/2003. Programme ISIS, copyright : CNES (2003), distribution Spotimage).	127
10.5	Typologie de l'habitat sur la région de Cayenne (d'après [Gardel, 2000]).	128
11.1	Résumé des paramètres du modèle de diffusion - simulations sur Iracoubo	143
11.2	Caractéristiques du rayon de diffusion des moustiques <i>Aedes</i> sur différents quartiers de la région de Cayenne (simulations)	147
12.1	Résumé des paramètres du modèle dynamique de la dengue - simulations sur Iracoubo	158

Liste des abréviations

AVHRR Advanced Very High Resolution Radiometer

CCD Cold Cloud Duration

CIRAD Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement

CNES Centre National d'Études Spatiales

CNR Centre National de Référence

DDE Direction Départementale de l'Équipement

DSDS Direction de la Santé et du Développement Social

GPS Global Positioning System

IgG Immunoglobuline de classe G

IgM Immunoglobuline de classe M

IGN Institut Géographique National

IHA Inhibition de l'HemAgglutination

INSEE Institut National de la Statistique et des Études Économiques

INVS Institut National de Veille Sanitaire

IPG Institut Pasteur de la Guyane

IRD Institut de Recherche pour le Développement

HRV High Resolution Visible

LAI Leaf Area Index

LST Land Surface Temperature

MSS Multispectral Scanner System

NDVI Normalized Difference Vegetation Index

NOAA National Oceanic and Atmospheric Administration

PCR Polymerase Chain Reaction

SDD Service Départemental de Désinfection

SIG Système d'Information Géographique

SPOT Satellite Pour l'Observation de la Terre

SST Sea Surface Temperature

TM Thematic Mapper

ULV Ultra Low Volume

Introduction

Malgré les progrès de la médecine au XX^e siècle, notamment le développement important de traitements et de vaccins efficaces contre les maladies transmissibles, l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) constate aujourd'hui que "la lutte contre les maladies infectieuses est loin d'être gagnée" [OMS, 2000]. Il s'agit en effet actuellement de faire face non seulement aux maladies endémiques mortelles comme le paludisme ou la tuberculose, mais également à des maladies émergentes, comme le sida, ou réémergentes, parmi lesquelles la dengue.

De nombreux facteurs, tels que les changements climatiques et écologiques, l'intensification des échanges et des voyages, la pauvreté et l'urbanisation sauvage, la faiblesse des structures sanitaires dans certains pays, favorisent le maintien, l'extension ou l'émergence de nombreuses maladies infectieuses.

Dans ce contexte, les activités de recherche doivent se poursuivre pour améliorer la prévention et la lutte : la recherche médicale en premier lieu, et d'autre part les études portant sur la description, l'analyse et la modélisation des maladies transmissibles.

Depuis plusieurs années, la télédétection et les Systèmes d'Information Géographique (SIG) sont utilisés pour de telles recherches. Ces outils présentent en effet un intérêt à plus d'un titre : la cartographie de la distribution de la maladie pour la surveillance épidémiologique ; la mise en place de systèmes d'alerte et de cartes de risque ; enfin, la mise en évidence de relations entre la maladie et l'environnement. Dans la plupart des études, des paramètres environnementaux sont extraits des images satellitales et une analyse statistique est utilisée pour tester leurs relations avec les données épidémiologiques.

Le travail de thèse concerne la mise au point, à partir de données de télédétection, d'indicateurs environnementaux pertinents pour la surveillance d'une maladie liée au milieu urbain comme la dengue et l'utilisation de ces indicateurs spatiaux pour modéliser la dynamique spatiale et temporelle de la maladie.

En nous appuyant d'une part sur l'analyse des limites des méthodes actuelles, et d'autre part sur l'étude à partir de données rétrospectives de la circulation de la dengue en Guyane, un modèle de diffusion, basé sur des paramètres environnementaux calculés à partir d'une image satellitale, est développé pour décrire la dynamique des moustiques vecteurs. Ce modèle est ensuite relié à un modèle en compartiments qui permet de décrire les processus de transmission entre les hôtes et les vecteurs. Des propositions sont faites pour intégrer les résultats de cette recherche dans un système de surveillance opérationnel de la dengue.

Ce travail est réalisé pour le cas de la dengue en Guyane mais avec la volonté de développer une méthode générique, transposable à d'autres contextes épidémiologiques et géographiques.

Dans la première partie, un état de l'art est réalisé, portant à la fois sur les applications de la télédétection à l'épidémiologie (chapitre 1) et sur la modélisation de la dimension spatiale des maladies infectieuses (chapitre 2). L'épidémiologie de la maladie étudiée, la dengue, et en particulier les caractéristiques de son vecteur, le moustique femelle *Aedes aegypti*, sont détaillées (chapitre 3).

La deuxième partie du mémoire est consacrée à la situation épidémiologique de la dengue en Guyane et à l'étude, à partir de données rétrospectives, de la circulation de la dengue à une échelle régionale (chapitre 4) et locale (chapitre 5). Les résultats mettent en évidence l'intérêt de modéliser la dynamique spatiale et temporelle de la dengue en intégrant les paramètres environnementaux (environnement naturel et humain) pour la réalisation d'un outil de simulation adapté au contrôle des populations vectorielles, actuellement le seul moyen de lutte contre la dengue, à une échelle locale.

La troisième partie établit les équations d'un modèle pour la dynamique spatiale et temporelle d'une maladie à transmission vectorielle comme la dengue.

Une équation de diffusion est adaptée pour décrire la dynamique des populations de vecteurs (chapitre 6). Des données de télédétection sont utilisées pour la description du paysage et de paramètres environnementaux inclus dans le modèle; nous justifions en effet que l'échelle spatiale des données satellitales couramment utilisées est adaptée pour la description d'un processus de diffusion des insectes. Nous proposons des méthodes basées sur des données de télédétection pour le calcul des paramètres du modèle (chapitre 7). Le modèle de diffusion des vecteurs est ensuite couplé à un système d'équations différentielles à retard afin de traduire les processus de transmission de la dengue (chapitre 8). La résolution numérique du système d'équations est détaillée dans le chapitre 9.

Dans la partie 4, les modèles de la diffusion des insectes et de la dynamique de la dengue proposés précédemment sont appliqués à différents cas concrets.

Le chapitre 10 est consacré à l'estimation de l'ensemble des paramètres du modèle pour le cas de la dengue en Guyane. Dans le chapitre 11 le modèle de diffusion des insectes est appliqué pour simuler d'une part la dynamique des populations de moustiques vecteurs *Aedes aegypti* sur différents sites en Guyane, et d'autre part pour tester le modèle dans un tout autre contexte (géographique et épidémiologique). Dans le chapitre 12, nous appliquons le modèle de la dynamique de la dengue au cas de la commune d'Iracoubo. Les résultats sont comparés à la dynamique réelle d'une épidémie de dengue-3 survenue à Iracoubo en 2001.

La dernière partie conclut ce mémoire en présentant des réflexions et des propositions sur l'intégration des outils géomatiques dans un système de surveillance

opérationnel de la dengue, et sur l'intérêt d'une telle recherche pour les problématiques de santé publique.

De part le caractère interdisciplinaire du travail de thèse, ce mémoire s'adresse à des lecteurs d'horizons différents. Pour faciliter la lecture, plusieurs termes concernant les aspects épidémiologiques et médicaux sont définis au fil du texte ; surtout, un glossaire à la fin du document résume l'ensemble des termes techniques, qu'ils soient médicaux, mathématiques ou liés au domaine de la télédétection.

Première partie

État de l'art

Cette première partie a pour objectif de présenter un état de l’art portant à la fois sur les applications de la télédétection à l’épidémiologie (chapitre 1) et sur la modélisation de la dimension spatiale des maladies infectieuses (chapitre 2). Le chapitre 3 présente l’épidémiologie de la maladie étudiée, la dengue.

Chapitre 1

Applications de la télédétection à l'épidémiologie

Dans ce chapitre est présentée une synthèse des études menées sur les applications de la télédétection dans le domaine de l'épidémiologie. Cette approche repose sur l'hypothèse que la maladie étudiée est liée à l'environnement, et que cet environnement peut être décrit par télédétection. Les données de télédétection couramment utilisées ainsi que les méthodes employées sont décrites. Nous verrons que dans la plupart des études, il s'agit d'établir une relation statistique entre des paramètres dérivés d'images satellitaires (occupation du sol, indices de végétation, de température, etc.) et des paramètres épidémiologiques ou entomologiques (nombre de cas, taux d'incidence, densités de vecteurs, etc.). L'inversion de cette relation permet alors d'identifier et caractériser les zones ou périodes à risque.

1 Introduction

L'épidémiologie est la science qui étudie la distribution et les déterminants des événements de santé dans une population donnée. En particulier, elle s'intéresse aux relations existant entre des indices d'occurrence d'une maladie et des caractéristiques de l'environnement. Étant donné que les techniques d'observation de la Terre sont à même, justement, de fournir l'information sur cet environnement, l'application de la télédétection au domaine de l'épidémiologie semble possible.

Ainsi, dès 1970 Cline propose d'utiliser les capteurs de télédétection comme "de nouveaux yeux pour les épidémiologistes" [Cline, 1970]. Depuis, de nombreux exemples d'applications ont été proposés pour différentes maladies, humaines ou animales, dans différentes régions du monde.

Dans les articles de revues [Washino et Wood, 1994] [Hay, 1997] [Kitron, 1998] ces exemples sont en général classés par maladies, parmi lesquelles on peut citer le paludisme [Beck *et al.*, 1994] [Omumbo *et al.*, 2002], la trypanosomose humaine [Rogers *et al.*, 1996] ou animale [de La Rocque *et al.*, 2001], la schistosomose [Bavia *et al.*, 2001] [Seto *et al.*, 2002], la maladie de Lyme [Dister *et al.*, 1997], la fièvre de la vallée du Rift [Linthicum *et al.*, 1999], le choléra [Lobitz *et al.*, 2000] et la leishmaniose [Miranda *et al.*, 1998].

Nous présentons ici la démarche générale qui se dégage des exemples de la littérature, classés ici selon différents critères : hypothèses et objectifs, données et méthodes utilisées. Les limites des méthodes actuelles sont ensuite discutées.

2 Problématique

L'objet de ce paragraphe est de présenter les objectifs de l'approche "télédétection et santé" et les hypothèses sous-jacentes.

2.1 Point de départ

Le point de départ à l'utilisation de données de télédétection en épidémiologie est que la maladie étudiée est liée à l'environnement, et que cet environnement peut être caractérisé, de manière directe ou indirecte, par des images de télédétection. Il s'agit donc d'établir les liens successifs existant entre la maladie et l'image.

Maladie et environnement

De nombreuses pathologies sont liées de manière plus ou moins directe, à l'environnement. A titre d'exemple, ce lien est particulièrement fort pour les maladies - humaines ou animales - transmises par des insectes vecteurs (comme des moustiques, mouches, tiques) dont la distribution est liée à des paramètres tels que la température, le type de végétation, l'humidité, etc., qui déterminent leur habitat [Curran *et al.*, 2000] [Hay *et al.*, 1996]. C'est le cas également des maladies ayant pour réservoir un animal sauvage dont la présence dépend fortement du type de paysage.

Dans le cas de maladies pour lesquelles les liens avec l'environnement sont moins bien connus, l'apport de la télédétection peut être justement de permettre de rechercher des associations entre les paramètres environnementaux et la distribution de la maladie afin de mieux comprendre les modes de transmission.

Environnement et télédétection

Depuis le lancement des premiers satellites civils d'observation de la Terre dans les années 1970, les capacités des capteurs de télédétection à caractériser l'environnement, à différentes échelles spatiales, temporelles, et spectrales, n'ont cessé de croître. Ce développement a été accompagné de celui d'indices et de modèles permettant de lier la mesure du rayonnement électromagnétique effectuée par le capteur à différents paramètres environnementaux, caractéristiques de l'environnement physique, écologique ou social.

Ainsi, et de plus en plus, les capteurs de télédétection sont à même de fournir aux épidémiologistes l'information sur l'environnement pertinente pour l'étude et la surveillance des maladies liées à des conditions environnementales. Cette approche est particulièrement intéressante pour les pays de la zone intertropicale pour lesquels les maladies transmissibles sont nombreuses et posent de graves problèmes de santé publique.

Nous allons voir qu'en fonction des objectifs, le choix des données de télédétection et des méthodes sera différent.

2.2 Objectifs

L'objectif principal de l'utilisation de la télédétection dans le domaine de la santé est l'identification des zones et des périodes à risque de manière à ce que les efforts de contrôle et les stratégies d'intervention soient les plus efficaces et ciblés possible. Il s'agit donc d'établir des modèles prédictifs de l'occurrence spatiale et temporelle de la maladie. Pour cela, nous verrons (§4) que la méthode sera différente selon la situation : celle où l'on connaît *a priori* le facteur écologique à rechercher ; et celle pour laquelle on dispose de données épidémiologiques, localisées dans le temps ou l'espace, que l'on cherche à corrélérer avec des paramètres environnementaux.

D'autre part, outre l'aspect prédictif, les données de télédétection peuvent être exploitées comme source d'information avec comme objectif l'étude et la compréhension des associations entre la distribution de la maladie et l'environnement.

Occurrence temporelle et occurrence spatiale

Occurrence temporelle La répétitivité de l'observation faite par les capteurs de télédétection permet d'utiliser les données enregistrées pour suivre au cours du temps certains paramètres environnementaux comme la température, ou des indices de végétation ou de pluviométrie. Dans le cas d'applications en épidémiologie, ces données peuvent donc être exploitées pour la prédiction de l'occurrence temporelle du risque de maladie.

Par exemple, Linthicum *et al.* (1999) établissent une relation entre l'activité du virus de la fièvre de la vallée du Rift au Kenya et les variations de la température de surface de la mer et d'un indice de végétation dérivés du capteur AVHRR¹ ; Lobitz *et al.* (2000) mettent en évidence le lien entre les cycles annuels de la température de surface de l'océan et le nombre de cas de choléra au Bangladesh.

Ce type d'application, pour un suivi temporel avec des pas de temps réduits (entre le jour et le mois), nécessite l'utilisation de données présentant une forte répétitivité temporelle ; les capteurs qui fournissent ce type de données sont des capteurs à large champ et basse résolution spatiale, du type NOAA² AVHRR (taille de pixel : 1,1 km) ou Meteosat (taille de pixel : 5 km).

Occurrence spatiale Ces mêmes capteurs peuvent également être utilisés pour la recherche de l'occurrence spatiale de la maladie, sur de vastes régions. Si un lien existe avec l'occurrence de la maladie et la "signature temporelle" des zones observées, celle-ci peut permettre l'identification d'aires à risque, mais à une faible résolution spatiale [Rogers et Randolph, 1991] [Malone *et al.*, 1994] [Rogers *et al.*, 1996] [Gleiser *et al.*, 1997] [Estrada-Peña, 1999].

¹Advanced Very High Resolution Radiometer, capteur embarqué à bord des satellites de la NOAA

²National Oceanic and Atmospheric Administration

La détermination de l'occurrence spatiale de la maladie à une échelle plus fine requiert l'utilisation de données de télédétection à plus haute résolution spatiale (entre le mètre et quelques dizaines de mètres). A ces échelles, ce sont des indicateurs sur l'occupation du sol, la structure du paysage, qui sont recherchés dans les images.

A titre d'exemple, Rejmankova *et al.* (1995) utilisent une image SPOT XS pour identifier les zones de marais qui sont les gîtes larvaires potentiels pour *Anopheles albimanus* le moustique vecteur du paludisme au Belize. Wood et al (1992) recherchent dans les images multispectrales Landsat TM les zones de rizières proches des pâturages, qui sont les régions les plus propices au développement d'*Anopheles freeborni* vecteur du paludisme dans le sud des États-Unis.

Prédire et expliquer

Prédire Parmi les exemples cités ci-dessus, certains permettent d'établir des modèles prédictifs de l'occurrence spatiale ou temporelle, mais sans que les liens successifs entre la maladie, l'environnement et l'image soient expliqués. Dans plusieurs cas, une corrélation entre paramètres environnementaux et paramètres épidémiologiques est observée, ce qui peut suffire à prédire le risque, mais sans pouvoir l'expliquer (ceci est particulièrement vrai lorsqu'un grand nombre de variables sont prises en compte, par exemple). Cette démarche peut être discutée (cf. §6) ; en effet, une corrélation ne prend tout son sens que s'il existe un modèle d'explication de cause à effet sous-jacent.

Expliquer D'un autre côté, l'objectif de l'utilisation des données de télédétection dans le domaine de l'épidémiologie peut être justement de mieux comprendre les relations entre la maladie et l'environnement.

Par exemple, l'association de données de télédétection (multispectrales et radar) et de relevés de terrain ont permis d'identifier et de caractériser l'habitat des vecteurs de la fièvre de la vallée du Rift au Kenya [Pope *et al.*, 1992]. De la même manière, les zones propices à la prolifération du vecteur du paludisme au Mexique (zones de marais et de jachère) ont pu être déterminées [Beck *et al.*, 1994]. Ici, l'information extraite des données d'observation de la Terre permet d'expliquer un phénomène.

3 Les données

Plusieurs articles listent les différents paramètres couramment extraits des images de télédétection et qui peuvent potentiellement être liés à des indices d'occurrence de maladie pour les capteurs actuels [Goetz *et al.*, 2000] [Hay, 2000] ou bien futurs [Beck *et al.*, 2000]. Nous présentons ici une revue des données les plus souvent utilisées dans les études sur le thème "télédétection et santé".

3.1 Les produits dérivés des images

Les valeurs de luminance mesurées par les capteurs de télédétection peuvent parfois être utilisées en tant que telles dans la recherche des facteurs de risque épi-

démiologique [Hay *et al.*, 1998] [Omumbo *et al.*, 2002]. Cependant, généralement de nouveaux indicateurs, dont l'interprétation est plus aisée, sont calculés.

Occupation du sol

L'occupation du sol est un indicateur essentiel pour les études épidémiologiques [Curran *et al.*, 2000] et peut être cartographiée à partir de photographies aériennes par photo-interprétation [Lothrop et Reisen, 1999], ou bien à partir d'images multispectrales à l'aide des techniques courantes de classification [Beck *et al.*, 1994] [Rejmankova *et al.*, 1995] [Miranda *et al.*, 1998].

La classification est un processus basé sur des caractéristiques issues de l'image (mesure radiométrique, indice de texture, etc.) : les pixels présentant des caractéristiques semblables sont regroupés dans une même classe. On distingue généralement la classification "supervisée", pour laquelle l'utilisateur définit préalablement le nombre et la nature des classes, à l'aide de zones d'apprentissage, et la classification "non supervisée", entièrement automatique, pour laquelle un algorithme définit des classes qui n'ont pas forcément de signification écologique pour l'utilisateur.

A partir de ces cartes de paysages, des indices caractérisant le risque pour les sites étudiés peuvent être calculés, comme par exemple la proportion de chaque type d'occupation du sol dans un certain rayon autour du site [Beck *et al.*, 1994] ou bien la distance entre les zones d'habitation et les zones propices aux vecteurs [Rejmankova *et al.*, 1995].

Grandeurs physiques issues de modèles

Température La température de surface de la mer (SST³) ainsi que la température de surface du continent (LST⁴) peuvent être calculées à partir des valeurs mesurées dans les canaux infrarouge thermique. Différents modèles existent pour relier les valeurs radiométriques mesurées par le capteur à une valeur de température, à partir en général de deux mesures (technique "split-window") [Cracknell, 1997].

Ces paramètres (SST, LST) sont couramment utilisés pour rechercher les conditions propices à certaines maladies, notamment pour le choléra (la température élevée de la mer favorise la prolifération du plancton, réservoir de la bactérie) [Lobitz *et al.*, 2000] ou la schistosomose (la répartition du mollusque hôte de *Schistosoma mansoni* serait liée aux différences de températures quotidiennes entre le jour et la nuit) [Malone *et al.*, 1994].

Indices

Les indices n'ont pas toujours de sens physique clair, il ne s'agit pas d'une grandeur mesurée, mais ils constituent des indicateurs fiables de phénomènes comme l'activité chlorophyllienne ou la turbidité de l'eau.

³Sea Surface Temperature

⁴Land Surface Temperature

Indices de pluviométrie L'indice de pluviométrie testé dans les études épidémiologiques est le Cold Cloud Duration (CCD) Index, dérivé du canal thermique de Meteosat [Hay *et al.*, 1998]. Cet indice estime le temps pendant lequel un pixel donné a été couvert par des nuages de pluies, nuages détectés par seuillage de la valeur de température des nuages dérivée de la mesure dans l'infrarouge thermique.

Indices de végétation L'indice de végétation le plus utilisé est sans conteste le NDVI, valeur numérique qui met en évidence les différences de réflectances dans le proche infrarouge et le rouge. Cet indice est sensible à l'activité chlorophyllienne [Asrar *et al.*, 1989]. Selon les régions, il peut donc constituer également un indicateur de la pluviométrie [Gleiser *et al.*, 1997] ou de l'humidité [Randolph, 2000].

Autres indices D'autres indices spectraux, calculés à partir des différents canaux du capteur Landsat TM, ont été testés dans certaines études : indices de clarté (brightness), "verdeur" (greenness) et humidité (wetness) (Tasseled Cap Transformation) [Dister *et al.*, 1997] [Abdel-Rahman *et al.*, 2001].

Indicateurs temporels

Pour caractériser la variation temporelle des différents indices présentés ci-dessus, de nouveaux indicateurs temporels peuvent être calculés.

Rogers (1996) a ainsi développé une méthode prédictive de la distribution de la mouche tse-tse, vecteur de la trypanosomose en Afrique de l'ouest, basée sur la transformée de Fourier d'une série temporelle d'indices de végétation (NDVI), de température et de précipitations. De nouveaux indices sont alors définis (amplitude, phase, moyenne). Cependant, des réserves peuvent être émises sur la signification et la qualité de ces indicateurs temporels (cf. §6).

3.2 Les données sur la distribution de la maladie

Selon les cas, les données mises en relation avec les paramètres environnementaux dérivés des images de télédétection concernent soit directement la maladie, soit, dans le cas des maladies à transmission vectorielle, l'insecte vecteur.

Données épidémiologiques

Nombre de cas Le nombre de cas est naturellement le paramètre le plus couramment utilisé. Selon l'échelle spatiale envisagée, le nombre de cas est recensé par région, par hôpital, par ville, par quartier, ou par maison. Le taux d'incidence⁵ peut également être calculé.

Pour comparer ces données aux données spatiales, elles doivent ensuite être géo-référencées, en général à l'aide de cartes ou de GPS⁶.

⁵Le taux d'incidence est égal au nombre de nouveaux cas pendant une période donnée divisé par le nombre de personnes vulnérables pendant cette période.

⁶Global Positioning System. Système de localisation à l'échelle du globe : constellation de satellites dont le système de fonctionnement permet à un utilisateur muni d'un récepteur GPS de déterminer sa localisation, en tout point du globe et en temps réel, avec une précision de quelques mètres.

Problème de localisation Pour des études sur la distribution des cas à une échelle spatiale fine (le quartier ou la maison), le problème de la localisation se pose. D'une part, parce qu'en l'absence d'autre information, c'est généralement la localisation au domicile du patient qui est choisie, alors que celle-ci ne correspond pas forcément au lieu de contamination. D'autre part, parce que l'étape de localisation des cas, en l'absence de système d'adressage géoréférencé, est effectuée par GPS et est très coûteuse en temps.

Données entomologiques

Pour pouvoir travailler sur la distribution des insectes vecteurs, des campagnes de relevés de terrain (piégeages) sont effectuées. La capture des insectes permet de caractériser leur abondance en fonction du lieu et de la période. Des techniques de captures, marquages, relâchés et recaptures permettent d'estimer des paramètres biologiques tels que la survie, la taille de la population totale ou la dispersion. Comme pour les données sur la maladie, ces données sur les vecteurs doivent être géoréférencées pour pouvoir être comparées aux données satellitaires.

Problème de l'exhaustivité Sans aller jusqu'à l'exhaustivité, il est important de pouvoir évaluer la représentativité de l'échantillonnage effectué, en particulier pour le cas de la mise en place de techniques de captures, marquages, relâchés et recaptures qui, parce que très coûteuse en temps et en moyens matériels et humains, ne permet d'effectuer qu'un petit échantillonnage.

4 Les méthodes

Des approches différentes peuvent être distinguées en fonction du degré de connaissances que l'on a sur la maladie étudiée. Lorsque l'épidémiologie de la maladie est bien connue, la télédétection est utilisée comme un outil de cartographie du risque épidémiologique. Par-contre, si les connaissances sur la maladie sont incomplètes, la télédétection constitue une source d'information supplémentaire pour améliorer la compréhension de l'épidémiologie de la maladie. Des méthodes statistiques sont alors utilisées pour tester les relations entre les paramètres dérivés des données de télédétection et les données sur la distribution de la maladie.

4.1 Méthodes de cartographie du risque épidémiologique

La démarche consiste à identifier les deux composantes du risque que sont le danger et la vulnérabilité⁷.

En effet, de manière très générale, le risque correspond à la probabilité qu'une situation potentielle de danger se manifeste et cause des dommages à un ensemble (territoire, population, ...) vulnérable, la vulnérabilité pouvant être définie comme un défaut de protection ou de défense naturelle. L'équation de définition du risque est alors la suivante : $\text{Risque} = \text{Danger} \times \text{Vulnérabilité}$. La prévention vise l'annulation

⁷La vulnérabilité est ici le coût humain de la maladie.

ou la réduction d'un de ces facteurs de risque (Danger et Vulnérabilité), voire des deux.

Danger

L'exemple le plus courant dans la littérature est l'association du danger à l'abondance du vecteur. Les données de télédétection sont alors utilisées pour la cartographie des régions favorables à la prolifération des insectes vecteurs dont l'habitat est connu : par exemple les zones inondées [Hayes *et al.*, 1985] [Pope *et al.*, 1992], les rizières [Wood *et al.*, 1992], marais [Rejmankova *et al.*, 1995], ou forêts galeries [de La Rocque *et al.*, 2001].

Vulnérabilité

Dans le cas des maladies humaines, on fait en général correspondre la vulnérabilité aux zones d'habitation. Pour des maladies animales, comme par exemple la trypanosomose animale, les zones de vulnérabilité correspondent aux zones de fréquentation des troupeaux [de La Rocque *et al.*, 2001].

4.2 Méthodes statistiques

Recherche de corrélations

Une analyse de corrélations est classiquement effectuée pour explorer la relation entre paramètres dérivés des images de télédétection et paramètres épidémiologiques. A cette étape de traitement, d'autres paramètres environnementaux, issus de sources d'information géographique différentes (données météorologiques, modèle numérique de terrain), peuvent être inclus dans l'analyse.

Parmi les méthodes employées on peut distinguer celles qui sont utilisées pour modéliser la distribution de la maladie ou du vecteur de manière continue (régression linéaire) ou seulement la présence/absence (analyse discriminante, régression logistique).

Par exemple, Linthicum *et al.* (1999) utilisent une régression linéaire pour relier le nombre de cas de fièvre de la vallée du Rift au Kenya aux variations d'indices de NDVI et de SST. Dans certains cas un grand nombre de variables sont prises en compte [Baylis *et al.*, 1998]. D'autre part, l'analyse discriminante a été largement utilisée pour identifier les paramètres environnementaux discriminants parmi les types d'occupation du sol [Beck *et al.*, 1994] [Hassan *et al.*, 1998] [Boone *et al.*, 2000] [Randolph, 2000].

Inversion des relations statistiques

L'inversion des corrélations observées permet d'obtenir soit des cartes de risque, soit la prédiction des périodes à risque épidémique. Par exemple, l'analyse de Beck (1994) permet de cartographier les villages les plus à risque pour le paludisme dans la région du Chiapas au Mexique. Les travaux de Randolph (2000) aboutissent à la cartographie de la distribution des tiques *Amblyomma variegatum* en Afrique. Le

modèle de Linthicum (1999) permet de prédire les pics d'activité de la fièvre de la vallée du Rift au Kenya.

Encore une fois, cette approche est discutable lorsqu'il n'y a pas de lien explicatif entre les paramètres environnementaux identifiés comme discriminants et l'épidémiologie de la maladie (cf. §6).

4.3 Méthodes de validation

Si dans les exemples de la littérature les corrélations établies sont significatives, peu de publications concernent la validation de ces modèles par comparaison avec des données externes, c'est-à-dire qui n'ont pas servi à l'élaboration du modèle.

Parmi les rares exemples de validation, Beck *et al.* (1997) testent la reproductibilité d'un modèle élaboré dans une région au Mexique [Beck *et al.*, 1994] sur 40 villages d'une région voisine, dans lesquelles les densités d'*An. albimanus*, vecteur du paludisme dans cette zone, sont mesurées par des relevés de terrain.

5 Apport des Systèmes d'Information Géographique

Les Systèmes d'Information Géographique (SIG) connaissent un essor important depuis plusieurs années, en particulier pour l'aménagement du territoire. Dans le domaine de la santé, ils sont également de plus en plus utilisés pour la cartographie des maladies, l'étude des risques d'exposition et la surveillance en santé publique [Gatrell et Löytönen, 1998].

5.1 Présentation de l'outil SIG

Un SIG est un outil informatique permettant le recueil, le stockage, l'intégration, l'analyse et la restitution de données géoréférencées, c'est-à-dire localisées dans l'espace par leurs coordonnées géographiques. Il permet donc de manipuler et gérer aisément des objets géographiques provenant de sources et de natures différentes (ex : réseau routier, parcelles agricoles) ainsi que les données associées à ces objets (ex : noms des rues, superficies de parcelles). Outre l'aspect technique, c'est surtout l'analyse spatiale, simplifiée par ce genre d'outil, qui constitue son intérêt.

En particulier, l'utilisation des SIG facilite l'analyse des relations environnement et santé, ainsi que la mise à disposition des résultats comme les cartes de risque. Outils de communication, les SIG peuvent alors être employés de manière opérationnelle pour la surveillance épidémiologique.

5.2 Exemples d'application en épidémiologie

Dans de nombreux exemples évoqués dans les paragraphes précédents, un SIG a été utilisé pour calculer certains paramètres, comme par exemple la proportion de différents types de paysages autour d'un village [Beck *et al.*, 1994] ou la distance entre zones d'habitation et gîtes larvaires [Rejmankova *et al.*, 1995]. Les fonctions disponibles dans les SIG concernant le calcul de distance ou de superficie (calcul de

distance entre deux objets, calcul de superficie à l'intérieur d'une zone déterminée), facilitent en effet ce type d'analyse.

D'autre part, en aval des études sur les relations entre la maladie et l'environnement, le SIG est l'outil qui permet d'utiliser ces résultats dans un système de surveillance opérationnel, avec comme utilisateurs, par exemple, les services techniques chargés de la lutte anti-vectorielle, afin d'évaluer d'une part l'efficacité des traitements et d'autre part de localiser les zones à risque [Lothrop et Reisen, 1999], ou encore le ministère de la santé, pour cibler les programmes de contrôle de la schistosomose en Egypte [Abdel-Rahman *et al.*, 2001].

6 Les limites

Dans ce premier chapitre, une revue des applications de la télédétection pour des études épidémiologiques a été présentée en dégagant une approche générale des différents exemples de la littérature. Certaines limites à ce type d'approche peuvent cependant être évoquées.

6.1 Limites d'ordre technique

L'utilisation des données de télédétection dans le domaine de la santé est parfois limitée par la technologie des capteurs : pour certaines études les résolutions spatiales et temporelles sont inadaptées pour l'étude des processus de transmission, en particulier lorsque l'étude nécessite une haute résolution spatiale.

D'autre part une autre contrainte importante est liée au coût d'acquisition de certaines images, en particulier les données à haute résolution spatiale, ainsi que celui des logiciels de traitement d'image et SIG.

6.2 Limites d'ordre méthodologique

Certaines limites d'ordre méthodologique ont été évoquées dans le texte, nous les reprenons ici.

Les limites de l'approche statistique

La plupart des études sur les applications de la télédétection à l'épidémiologie reposent sur une analyse statistique des relations entre des indicateurs environnementaux dérivés des images et des paramètres épidémiologiques.

Cependant, comme cela a été évoqué plusieurs fois, souvent le lien entre l'image et la maladie reste inexpliqué car le rapport de cause à effet n'est pas exploré. En particulier, lorsque de très nombreux indicateurs sont pris en compte dans l'analyse, l'interprétation de l'indice de risque final est très délicate. Ceci limite l'application du modèle statistique à d'autres contextes géographiques.

Les données de télédétection pourraient être utilisées pour alimenter des modèles de type déterministe, qui prennent justement comme point de départ les différents rapports de cause à effet.

Les limites des indicateurs utilisés

Suite aux remarques précédentes, le choix des indicateurs issus des données de télédétection comme indices de risque épidémiologique peut être discuté. En effet, dans la plupart des études les indicateurs environnementaux les plus classiques (par ex. le NDVI) sont utilisés pour la recherche de corrélations avec les paramètres épidémiologiques, mais une réflexion sur leur signification et leur qualité est en général difficile. Il manque donc souvent une phase de recherche sur le ou les indicateurs les mieux adaptés au cas de la maladie étudiée.

Ainsi, nous constatons que les indicateurs environnementaux utilisés dans la recherche des facteurs de risque concernent uniquement l'environnement naturel (température, végétation, occupation du sol, pluviométrie), ce qui limite ce type d'approche pour des applications en milieu urbain. Des indicateurs concernant l'environnement "humain" (densités de population, type d'habitat, etc.) tout aussi pertinents pour des études épidémiologiques pourraient être recherchés.

La prise en compte des aspects spatial et temporel

Bien souvent les études aboutissent soit à des cartes "statiques" du risque soit à l'identification de périodes à risque, mais ne permettent pas de prédire à la fois l'évolution spatiale et temporelle du risque de la maladie - ceci étant lié au choix du capteur. Du moins ce type d'application ne permet pas de suivre l'évolution d'une maladie à des échelles spatiale et temporelle adaptées aux mesures d'aide à la décision, comme par exemple la simulation de l'impact d'actions de déoustication sur le développement d'une maladie vectorielle. Nous verrons dans le chapitre suivant qu'à l'inverse il existe des modèles mathématiques qui permettent de simuler la dynamique temporelle des maladies infectieuses mais que la dimension spatiale n'est que rarement prise en compte.

Difficultés liées au caractère interdisciplinaire de l'approche

Enfin, des difficultés liées à la communication entre épidémiologistes d'une part et "télédétecteurs" d'autre part peuvent être évoquées, qui peuvent expliquer d'ailleurs certaines des limites discutées ci-dessus.

La complexité de l'écologie de la santé requiert une étude adaptée à chaque contexte particulier (épidémiologique et géographique), contrairement à d'autres applications de la télédétection dans des domaines comme l'océanographie ou la climatologie pour lesquels l'utilisation de méthodes génériques a fait ses preuves. De telles études nécessitent donc la mise en place d'équipes interdisciplinaires. Wood *et al.* (2000) insistent sur le besoin en formations aux techniques de télédétection à destination des spécialistes de la santé.

7 Conclusion

Dans ce premier chapitre, l'état de l'art détaillé sur les applications de la télédétection à l'épidémiologie met en évidence à la fois le potentiel de l'utilisation des

données d'observation de la Terre pour de telles études et les limites des méthodes actuelles.

L'objectif de la thèse est donc de développer de nouvelles méthodes pour pallier certaines de ces limites, notamment la prise en compte de la dimension à la fois spatiale et temporelle des maladies, et la mise au point d'indicateurs environnementaux adaptés à l'étude d'une maladie urbaine comme la dengue. Nous envisageons ici, non plus une approche statistique, mais une nouvelle méthode qui intègre les données de télédétection dans des modèles de type déterministe, pour lesquels les relations de cause à effet sont explicitées.

Le chapitre suivant concerne la modélisation des maladies transmissibles.

Chapitre 2

Modélisation de la dimension spatiale des maladies infectieuses

Ce chapitre présente différents modèles développés pour l'étude des maladies infectieuses. Dans un premier temps le modèle en "compartiments", qui est le principal modèle employé pour décrire la dynamique des maladies infectieuses, est détaillé. Les populations (hôtes, vecteurs) sont divisées en "compartiments", en fonction de l'état infectieux des individus : sains, infectés en période de latence, infectants, résistants. Des équations différentielles permettent de décrire les flux entre les compartiments. Ce type de modèle permet de simuler le développement temporel d'épidémies mais la dynamique spatiale est par contre beaucoup plus rarement prise en compte. Dans un deuxième temps, les différents types de modèles existants pour tenir compte de la dimension spatiale des maladies infectieuses sont présentés, puis leurs limites sont discutées.

1 Introduction

Aujourd'hui, face à la persistance de nombreuses maladies infectieuses (quelles soient humaines, animales ou bien végétales), les recherches théoriques sur la modélisation permettent d'aborder l'épidémiologie sous un nouvel angle ; les résultats de ces recherches permettent d'améliorer les stratégies de lutte, de contrôle et peut-être demain l'éradication de certains agents infectieux. En effet, même dans le cas où des traitements efficaces sont mis au point, il reste important de pouvoir les cibler dans la population [Anderson et May, 1991].

Comme nous l'avons abordé dans le chapitre précédent, l'utilisation de données de télédétection couplée à celle de SIG permet d'identifier et cartographier des zones à risque par la mise au point de modèles statistiques du risque. Ce type de modèle permet de relier un effet à une cause, en ignorant éventuellement le mécanisme de ce lien.

Par ailleurs, d'autres modèles, de type déterministe ou stochastique, ont été développés pour l'étude et le contrôle des épidémies. Ces modèles au contraire cherchent à simuler le mécanisme en imposant qu'une cause engendre un effet, soit de manière systématique (modèles déterministes), soit avec un certain degré d'aléatoire (modèles stochastiques). L'utilisation de ce type de modèles impose donc de connaître

préalablement les modes de transmission de la maladie étudiée (détaillés pour le cas de la dengue dans le chapitre 3). Nous résumons ici comment ces modèles prennent en compte la dimension spatiale des maladies infectieuses.

2 Les modèles épidémiologiques en "compartiments"

Il s'agit des modèles de Kermack et McKendrick (1927) qui ont eu une influence majeure sur le développement de modèles mathématiques en épidémiologie. Plusieurs ouvrages présentent ces modèles de manière détaillée [Anderson et May, 1991] [Murray, 2003].

2.1 Description générale

Dans le cas d'une maladie infectieuse qui confère une immunité après guérison, la manière naturelle de décrire le processus infectieux est de diviser la population en un nombre réduit de classes d'individus : susceptibles (S : qui peuvent contracter la maladie), infectés (I : qui ont la maladie et peuvent la transmettre), guéris-et-immunisés (R^1) [Anderson et May, 1991] [Murray, 2003]. Cette dernière classe R peut également inclure les individus décédés.

$$S \rightarrow I \rightarrow R$$

(modèle SIR)

Selon le cas des classes supplémentaires peuvent être ajoutées : une classe d'individus en période de latence, infectés mais pas encore infectants (E) :

$$S \rightarrow E \rightarrow I \rightarrow R$$

(modèle SEIR)

Les flux entre les compartiments sont alors décrits à l'aide d'un système d'équations différentielles. Ces équations permettent en effet de relier les variations des grandeurs S, I, et R aux valeurs instantanées de ces grandeurs. Par exemple, le modèle classique "en compartiments" de Kermack et McKendrick (1927) s'écrit :

$$\frac{dS}{dt} = -rSI \tag{2.1}$$

$$\frac{dI}{dt} = rSI - aI \tag{2.2}$$

$$\frac{dR}{dt} = aI \tag{2.3}$$

où $r > 0$ est le taux d'infection et $a > 0$ le taux de passage des individus infectés dans la classe "immunisés" (R). Le problème est de réussir à ajuster ces deux paramètres de la manière la plus réaliste possible.

¹"Recovered" ou "removed"

Le système est complété par des conditions initiales comme :

$$S(0) = S_0, I(0) = I_0, R(0) = 0. \quad (2.4)$$

et la relation, N étant la population totale,

$$S(t) + I(t) + R(t) = N \quad (2.5)$$

Cette démarche générale est la même pour tous les modèles épidémiologiques. Cependant, les applications dépendent de l'échelle à laquelle les mécanismes de transmission sont décrits. Ceci sera discuté par la suite (§2.2).

Remarques

L'hypothèse du mélange homogène Ce type de modèle repose sur l'hypothèse forte qui consiste à dire que la population considérée est mélangée de manière homogène, ceci impliquant que les taux d'infection, résultant des taux de contacts entre individus susceptibles et infectés, sont les mêmes pour tous les individus. Cette hypothèse pose un problème lorsque l'on regarde une large population, à l'échelle d'un pays ou d'une ville par exemple, car dans ce cas de nombreuses sources d'hétérogénéités existent, parmi lesquelles on peut citer l'âge, le sexe, la classe sociale, ou la distribution géographique (cf. §2.2).

Le cas des maladies à transmission vectorielle Dans le cas de maladies à transmission vectorielle comme la dengue, pour laquelle les processus de transmission entre l'hôte et le vecteur sont présentés au chapitre 3, deux systèmes couplés SIR sont utilisés classiquement pour décrire les processus de transmission entre l'hôte et le vecteur.

Modèles déterministes ou stochastiques Dans les modèles déterministes, les paramètres de transmission (a et r) sont définis une fois pour toutes. Des modèles stochastiques, faisant intervenir le hasard, ont été proposés plus récemment : dans ces modèles le risque est appliqué successivement à chaque individu, par tirage au sort [Anderson et May, 1991]; le comportement est en général plus réaliste, mais l'utilisation de tels modèles implique de connaître les lois de probabilités pour le tirage au sort.

2.2 Questions d'échelle

Dans les modèles épidémiologiques, la dynamique des différentes populations S , I , R est décrite par un système d'équations différentielles. La plupart de ces modèles concernent la population totale N qui correspond à la population d'un pays ou d'une ville : les différents compartiments S , I , R somment les individus sur une grande région de l'espace. Ces modèles décrivent uniquement l'évolution temporelle des différentes populations susceptibles, infectées et résistantes ; une telle description n'est donc pas adaptée à l'étude de la dynamique spatiale de la maladie.

D'autre part, comme nous l'avons indiqué ci-dessus, dans le cas où l'on considère une population sur une large zone, l'hypothèse du mélange homogène n'est plus vérifiée. Pour qu'elle reste vraie, c'est-à-dire pour que l'on puisse considérer que les contacts entre les individus sont bien répartis, indépendamment des facteurs d'hétérogénéité cités ci-dessus, la population considérée doit être petite, ce qui implique un découpage de l'espace spatial.

Ainsi, pour intégrer la dimension spatiale dans ces modèles, des compartiments "spatiaux" (pays, villes, quartiers, maisons,...) sont superposés aux compartiments "infectieux" (*i.e.* les compartiments définis précédemment : S, I, R). Les équations précédentes peuvent alors être réécrites pour chaque compartiment spatial noté i (parfois désigné par "boîte"), avec les grandeurs S_i , I_i , R_i , et des liens entre les boîtes sont définis. L'échelle spatiale globale est ainsi morcelée en zones.

Les différentes approches pour de tels modèles sont détaillés par la suite (§3).

2.3 Quelques exemples d'applications

Lors d'une situation épidémique, la principale question est de savoir si, connaissant les caractéristiques de la maladie et les conditions initiales (S_0 , I_0), l'infection va se propager ou non. Cette question définit un seuil R_0 , le *taux basique de reproduction* d'une infection, qui est le nombre d'infections secondaires produites par une première infection dans une population susceptible. En exploitant les sorties du modèle, des conclusions peuvent être faites à partir du R_0 sur la relation entre la population susceptible initiale S_0 et les taux d'infection pour que l'épidémie ait lieu. L'équilibre endémie/épidémie peut ainsi être étudié de manière simple [Murray, 2003] [Van den Driessche et Watmough, 2002].

Des caractéristiques comme la durée d'une épidémie, le nombre d'individus immuns à la fin de l'épidémie, l'alternance entre phases épidémique et endémique, peuvent donc être étudiés à partir des modèles en compartiments (voir par exemple la revue de [Anderson et May, 1991]).

Enfin, les effets des mesures de contrôle ou éventuellement d'éradication (campagnes de vaccination, lutte anti-vectorielle) peuvent être testés à partir de ces modèles. Par exemple, Newton et Reiter (1992) testent l'impact d'applications d'insecticides à faible volume sur la transmission de la dengue en simulant une baisse brutale de la densité totale des vecteurs.

Encore une fois, ces études portent sur les aspects temporels de la maladie sur l'ensemble de la zone d'étude alors que la dimension spatiale est rarement prise en compte.

3 Les modèles intégrant la dimension spatiale

Comme nous l'avons décrit précédemment, pour intégrer la dimension spatiale dans ces modèles, des compartiments "spatiaux", ou "boîtes" (pays, villes, quartiers, maisons,...) sont superposés aux compartiments "infectieux" (S, I, R). L'espace est alors discrétisé, soit de manière complète (modèles en espace continu), soit de manière intermédiaire en définissant des boîtes connectées entre elles.

3.1 Modèles en boîtes

Les modèles en boîtes tiennent compte de l'espace, non plus dans son ensemble, mais avec différents types de morcellement ("boîtes").

Modèles géographiques

Ces modèles définissent de nouveaux compartiments spatiaux correspondant aux objets géographiques tels que les villes et les pays. Les connexions entre ces boîtes sont liées aux mouvements de populations, estimés par des paramètres tels que la distance géographique, le temps, le coût, la fréquence des voyages.

Par exemple Sattenspiel et Dietz (1995) montrent comment des données sur les mouvements de population peuvent être intégrés à un tel modèle pour l'étude de la propagation de la rougeole sur l'île de la Dominique. A une échelle plus globale, Rvachev et Longini (1985) proposent un modèle sur la propagation de la grippe entre différentes villes du monde, basé sur les réseaux de transports.

Remarques Ces modèles utilisent une réelle métrique (position géographique, distance) pour étudier et simuler la propagation spatiale d'une maladie.

Ils sont davantage utilisés dans l'étude de maladies à l'échelle globale d'un pays (ou même du monde), pour lesquelles les déplacements des personnes jouent un rôle prépondérant.

Modèles en réseaux

Les modèles en réseaux sont une généralisation des modèles en boîtes ; ces modèles approchent la structure réelle des contacts entre les individus par une série de réseaux superposés : réseau familial, de l'école, du quartier, de la ville (modélisation topologique). Par exemple, des réseaux d'automates cellulaires, qui sont des systèmes dynamiques discrets, ont été proposés pour étudier la dynamique d'épidémies [Boccara *et al.*, 1994].

Cependant, et de manière générale, ces modèles sont utilisés pour étudier et comprendre différentes caractéristiques des maladies transmissibles, mais sont rarement utilisés de manière pratique pour la lutte contre ces maladies. Ceci sera discuté dans le paragraphe §4.

Modélisation des connexions entre les boîtes

Dans la théorie des modèles en boîtes pour l'intégration de la composante spatiale dans les modèles épidémiologiques, des hypothèses sont faites sur le type de connexions existant entre les boîtes. En écologie, la théorie des "métapopulations" (une métapopulation est une "population de populations") définit différents types de connexions entre sous-populations. On distingue généralement le cas où toutes les boîtes sont également reliées entre elles [Lloyd et May, 1996] ; le cas où elles sont reliées de manière forte à une boîte centrale (modèle de type "villes et villages") [May et Anderson, 1984] ; le cas où elles sont alignées sur une ligne, une matrice, un cercle [Rohani *et al.*, 1996].

En particulier, de nombreuses études portent sur l'influence de l'organisation de ces structures spatiales sur l'impact et l'organisation optimale des campagnes de vaccination [May et Anderson, 1984], et sur la persistance et les variations saisonnières d'une épidémie [Lloyd et May, 1996].

Remarque Il s'agit ici d'une modélisation purement topologique (les boîtes sont reliées entre elles dans une espace non mesurable) qui se prête bien à l'étude de relations de causalité, comme celles citées ci-dessus.

3.2 Modèles en espace continu

Dans ces modèles, l'espace est considéré de manière continue. Il s'agit ici d'une approche adaptée à la propagation également continue d'une maladie.

Modèles de diffusion

La dispersion spatiale des individus est modélisée par une équation de diffusion classique qui modifie les équations du modèle SIR [Murray, 2003] :

$$\frac{dS}{dt} = -rSI + D\nabla^2 S \quad (2.6)$$

$$\frac{dI}{dt} = rSI - aI + D\nabla^2 I \quad (2.7)$$

où D est un coefficient de diffusion, choisi constant, et ∇^2 la notation du Laplacien.

En général le problème est simplifié en résolvant le système à une dimension, de manière analytique ; la solution recherchée, si elle existe, est une vague épidémique qui permet de caractériser l'avancée spatiale d'une épidémie sur une population susceptible.

Ce type de modèle permet par exemple d'étudier de manière très théorique la propagation d'une maladie sur de vastes régions géographiques : un exemple historique est donné par Murray (1991) avec la grande épidémie de peste noire qui ravagea l'Europe au XIV^e siècle ; la propagation de la rage dans les populations de renards en Europe a également été étudiée à l'aide de ce type de modèle [Källén *et al.*, 1985] [Murray, 2003]. En effet, les modèles de diffusion appliqués à des populations le sont généralement pour des populations animales [Shigesada, 1980] [Shigesada, 1982] [Okubo et Kareiva, 2001].

La principale difficulté à laquelle se heurtent ces modèles est de définir la valeur du coefficient de diffusion D . Choisi constant, il estime une vitesse moyenne de propagation d'une maladie mais ne reflète en rien l'hétérogénéité du paysage. Ces modèles dont l'objet est une étude théorique des solutions de (2.6) et (2.7) ne peuvent donc aborder le problème de diffusion dans des conditions réalistes.

4 Les limites

De manière générale, la propagation spatiale des épidémies est beaucoup moins bien comprise et beaucoup moins étudiée que le développement temporel des maladies et épidémies. Cependant, comme nous l'avons vu dans ce chapitre, de nouvelles

approches ont été proposées pour introduire des hétérogénéités spatiales dans les modèles classiques "en compartiments" et étudier l'influence de la structure spatiale sur la dynamique temporelle d'épidémies.

Nous discutons ici les limites des modèles présentés.

4.1 Limites d'ordre méthodologique

La plupart des modèles développés en épidémiologie présentés ici permettent d'étudier un processus épidémique de manière très théorique et de tirer certaines conclusions sur la dynamique des maladies, éventuellement de formuler des recommandations générales concernant les politiques de prévention (campagnes de vaccination). Cependant ces modèles sont rarement intégrés à des systèmes opérationnels de surveillance et de contrôle pour définir les stratégies de lutte, systèmes qui nécessitent un lien étroit entre les sorties du modèles et la réalité de terrain.

Limites liées à l'échelle de l'étude

Une des difficultés auxquelles se heurtent les modèles épidémiologiques est liée à l'échelle spatiale choisie pour décrire les dynamiques des populations susceptibles, infectées et infectantes.

En effet, comme nous l'avons souligné précédemment, la plupart des modèles en compartiments sont écrits en intégrant les populations selon leur état infectieux sur une large zone d'étude (sur toute une ville par exemple). Cette approche permet de décrire les variations temporelles de la maladie avec plus ou moins de précision, mais en aucun cas la variation spatiale de la maladie.

Or, dans le cas par exemple des maladies vectorielles, l'information sur la répartition spatiale de la maladie est nécessaire pour pouvoir cibler les actions de lutte (démoustication). L'application des modèles en compartiments à une échelle trop globale n'est donc pas adaptée aux échelles spatiale et temporelle requises pour la lutte anti-vectorielle.

Liens avec l'environnement

A des échelles plus fines, des modèles intégrant la dimension spatiale des maladies ont été développés. Cependant, une des limites communes à ces méthodes est que les modèles proposés sont rarement reliés à la réalité de terrain et à des paramètres environnementaux (l'environnement étant considéré ici au sens large).

Ces modèles ne sont donc pas adaptés pour les maladies vectorielles par exemple, pour lesquelles l'environnement est déterminant pour la présence du vecteur. Compte tenu du contenu du chapitre précédent, il apparaît que l'utilisation de données de télédétection pour caractériser l'environnement et des SIG pour intégrer différentes informations géographiques pourrait permettre d'intégrer dans ces modèles une composante environnementale afin de les rendre plus réalistes.

4.2 Limites d'ordre technique

Enfin, le temps de calcul nécessaire aux simulations pour la modélisation de la dimension spatiale des maladies infectieuses reste un facteur limitant pour de telles applications mais les méthodes de résolution numérique et l'augmentation des capacités de calcul tendent à le rendre de moins en moins contraignant.

5 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté les modèles épidémiologiques, basé sur la description des flux entre différents compartiments de personnes ou de vecteurs susceptibles, infectés, infectants. Certaines limites des modèles actuels ont été discutées, en particulier, le choix de l'échelle d'application qui n'est pas toujours adaptée aux méthodes et aux moyens de lutte et de prévention, et d'autre part la prise en compte de paramètres environnementaux dans ces modèles.

Nous proposerons donc par la suite un modèle de la dynamique de maladies à transmission vectorielle, construit en tenant compte de ces différentes remarques. Ce point de vue permettra de tenir compte du temps, de l'espace et des paramètres environnementaux, et ainsi de répondre aux difficultés rencontrés par les modèles présentés dans cette partie.

Dans le chapitre suivant, l'épidémiologie de la maladie étudiée, la dengue, est présentée.

Chapitre 3

Epidémiologie et modélisation de la dengue

Ce dernier chapitre de la première partie a pour objectif de présenter la maladie qui a été étudiée dans le cadre du travail de thèse, la dengue. L'épidémiologie de la dengue est présentée, ainsi que les paramètres environnementaux déterminants pour son développement. Nous verrons qu'il s'agit aussi bien de paramètres liés à l'environnement physique qu'à l'environnement humain. Les quelques applications de la télédétection et des SIG à l'étude et la surveillance de la dengue ainsi que les modèles existants sont ensuite détaillées.

1 Epidémiologie de la dengue

1.1 Généralités

La dengue est une arbovirose¹ (maladie virale transmise par un arthropode) transmise à l'homme essentiellement par piqûre de moustique femelle du genre *Aedes*. C'est l'arbovirose humaine la plus fréquente et elle est présente dans la plupart des régions tropicales et subtropicales (figure 3.1). Elle peut prendre une forme asymptomatique ou se manifester par une forte fièvre et des douleurs diverses ; elle peut se compliquer de signes hémorragiques et entraîner la mort. Il existe quatre sérotypes de dengue (dengue-1, dengue-2, dengue-3, dengue-4) qui présentent les mêmes symptômes cliniques mais pour lesquels il n'existe pas d'immunité croisée, ce qui permet des infections successives par chacun des sérotypes chez un même individu. A ce jour, il n'existe ni traitement spécifique, ni vaccin contre la dengue, et l'unique moyen de lutte est le contrôle des populations de moustiques vecteurs.

1.2 Situation de la dengue dans le monde

La dengue est une maladie ré-émergente : le nombre total de cas, le nombre de formes graves (dengue hémorragique, dengue avec syndrome de choc) ainsi que la surface de son aire de répartition sont en augmentation depuis les années 50.

¹de l'anglais **Ar**thropod **B**orne **V**irus

Aujourd'hui, l'Organisation Mondiale de la Santé estime que la dengue affecte chaque année 100 millions de personnes dans le monde et en tue 50 000, principalement en Asie du Sud-Est. Les variations climatiques globales (réchauffement de la planète, épisodes associés à El Niño) sont susceptibles d'avoir un impact sur la distribution et la fréquence de la dengue [Jetten et Focks, 1997] [Deubel et Rodhain, 1999], et les modèles actuels prenant en compte ces changements s'accordent sur l'émergence prochaine de la maladie dans les régions limitrophes aux zones d'endémie actuelles [Hales *et al.*, 1996] [Patz *et al.*, 1998].

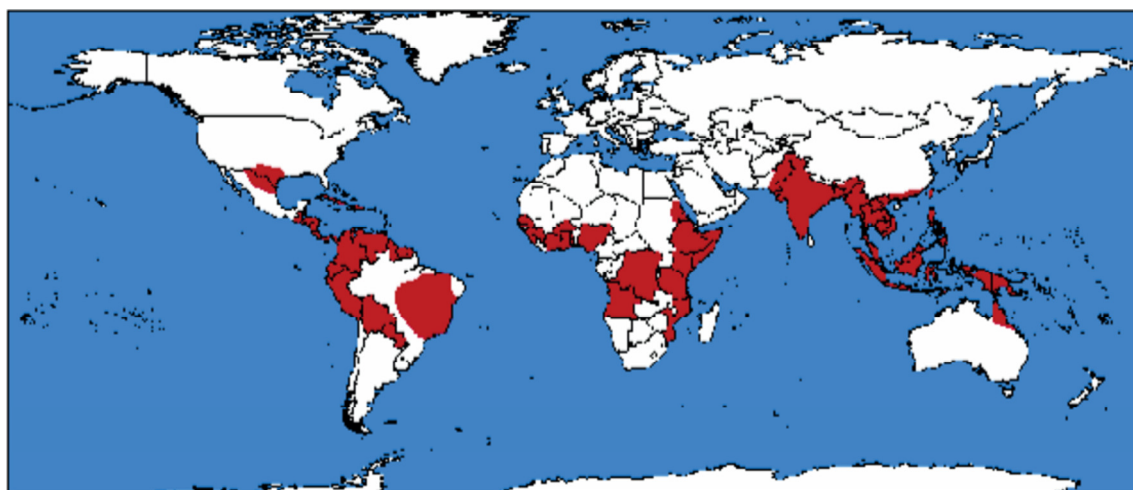


FIG. 3.1 – Répartition globale de la dengue dans le monde, 1975-1996 (source : Organisation Mondiale de la Santé, 1997)

1.3 Le cycle de la dengue

Bien que des cycles impliquant des singes en forêt tropicale aient été décrits, le cycle de la dengue a lieu principalement entre l'homme et le moustique du genre *Aedes*, le principal vecteur de la dengue étant *Aedes aegypti*.

Pour que la transmission du virus ait lieu (figure 3.2), un moustique femelle susceptible doit piquer une personne infectée, en phase de virémie, période qui dure en général de 4 à 5 jours. Après la piqûre et une phase d'incubation (incubation extrinsèque) d'une durée de 8 à 12 jours, le moustique deviendra à son tour infectant et capable de transmettre le virus à d'autres personnes par piqûre. L'incubation chez l'homme (incubation intrinsèque) peut varier de 1 à 10 jours ; elle est en général de 4-7 jours. Une fois infecté, le moustique reste infectant toute sa vie et peut également transmettre le virus directement à sa descendance (transmission verticale) [McBride et Bielefeldt-Ohmann, 2000].

1.4 Le principal vecteur, *Aedes aegypti*

Le principal vecteur de la dengue, *Aedes aegypti*, est un moustique d'origine africaine dont les formes domestiques se sont disséminées à travers le monde, notamment

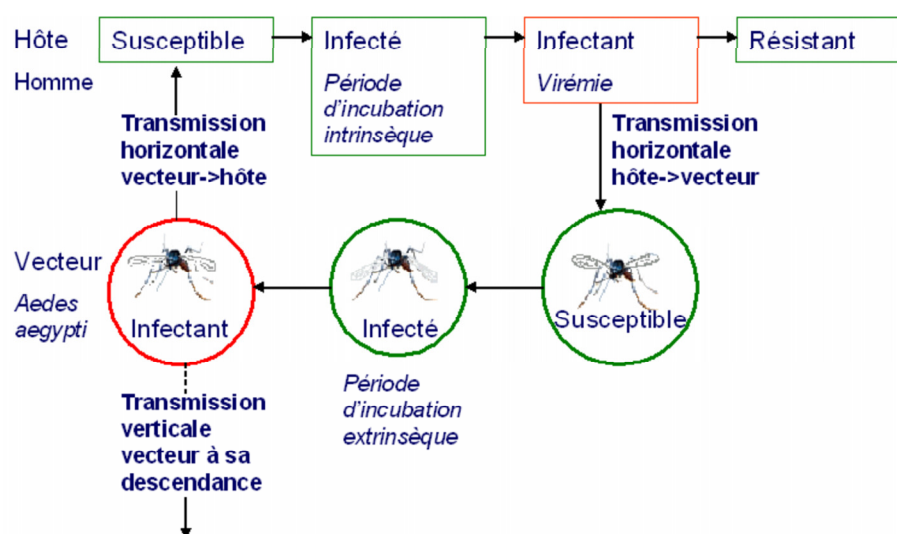


FIG. 3.2 – Représentation schématique du cycle de transmission de la dengue

en Amérique et en Asie [Rodhain, 1996]. Aujourd'hui, la distribution géographique de la dengue correspond à celle d'*Aedes aegypti*.

Il s'agit d'un moustique anthropophile, aux habitudes domestiques : les gîtes larvaires se trouvent soit dans la maison, soit autour de la maison. Il s'est particulièrement bien adapté aux milieux urbains au sein desquels l'homme, par sa présence, crée de nombreux gîtes larvaires artificiels (récipients de stockage d'eau, récipients abandonnés exposés à la pluie) [Deubel et Rodhain, 1999]. L'activité des femelles est essentiellement diurne, avec un pic d'activité dont l'occurrence peut varier selon le climat et l'habitat (ce qu'on appelle "la volée" en Guyane).

La durée du cycle gonotrophique² est courte, en moyenne de 3 jours, ce qui implique que les repas sanguins sont fréquents. La longévité des femelles est en général de 2 à 3 semaines dans des conditions naturelles (jusqu'à 2 mois en laboratoire), elle est plus courte pour les mâles. Le taux de survie journalier est estimé autour de 0,8 et 0,7 pour les femelles et les mâles respectivement [Trpis et Hausermann, 1986] [McDonald, 1977].

La dispersion spontanée des moustiques femelles varie en général de quelques dizaines à quelques centaines de mètres [Trpis *et al.*, 1995] [Harrington *et al.*, 2001] [Honorio *et al.*, 2003]. Il est habituellement décrit qu'un moustique femelle ne visite que quelques maisons au cours de sa vie mais des distances plus importantes ont été mesurées [Reiter *et al.*, 1995] [Wolfensohn et Galun, 1953]. Il est à noter qu'une dispersion passive des adultes et des larves est possible (vent, voiture, train, avion, bateau).

²ce cycle correspond à la succession des phénomènes physiologiques qui se produisent chez le moustique entre le repas sanguin et la ponte des œufs : la recherche de l'hôte et sa piqûre par la femelle à jeun, la digestion du sang qui se déroule dans le même temps que la maturation ovarienne, la recherche du lieu de ponte par la femelle gravide

1.5 Le diagnostic

Nous présentons ici rapidement les difficultés auxquelles se heurte le diagnostic de la dengue.

D'une part, il existe quatre virus distincts mais pour lesquels les symptômes cliniques sont les mêmes.

D'autre part, non seulement il n'existe pas de sérologie³ spécifique pour chaque sérotype, mais les sérologies pour la dengue croisent avec les autres virus de la famille des flavivirus. Ainsi, pour affirmer le diagnostic, il faut isoler le virus en culture, ou le mettre en évidence par RT-PCR⁴, ce qui impose qu'un prélèvement sanguin soit effectué durant la période virémique, qui est très courte.

1.6 Les techniques de lutte

Il n'existe pas encore de vaccins contre les différents sérotypes de virus de la dengue, ni de traitement, aussi le seul moyen de lutte actuel contre la maladie est le contrôle des populations de vecteurs. A un niveau individuel, chacun peut se protéger des piqûres de moustiques par l'utilisation de moustiquaires, de bombes insecticides ou de produits repellants pour la peau et les vêtements. Au niveau collectif, le contrôle de la population de vecteurs se décline en deux volets : le contrôle des populations adultes et celui des populations larvaires.

Le contrôle des populations adultes par épandage d'insecticide n'est pas toujours efficace à moins qu'il ne soit effectué également à l'intérieur des maisons. Cependant, l'application d'insecticides à faible volume (ULV : ultra-low-volume) par équipement aérien ou terrestre, reste le meilleur moyen de contrôler une épidémie en milieu urbain, par la réduction significative du nombre d'adultes infectés [Gratz, 1991] [Gratz, 1993].

Le contrôle des populations larvaires consiste à réduire la disponibilité des gîtes larvaires dans lesquels les moustiques femelles déposent leurs oeufs : utilisation d'insecticides, éventuellement de moustiquaires pour empêcher l'accès, ou élimination des habitats larvaires lorsqu'il s'agit de détritux (boîtes de conserve, pneus).

2 Influence des facteurs environnementaux

Parmi les paramètres environnementaux potentiellement déterminants pour la transmission de la dengue, on peut arbitrairement différencier ceux qui sont liés à l'environnement "naturel" ou environnement physique, et ceux liés davantage à l'environnement humain. Ce dernier prend une dimension particulièrement importante dans le cas de la dengue, du fait de l'adaptation du principal vecteur, *Aedes ae-*

³Etude des modifications présentées par un sérum sous l'influence d'une maladie

⁴PCR (Polymerase Chain Reaction) : Amplification génique. Technique de biologie moléculaire se prêtant à l'automatisation, qui permet d'augmenter la quantité d'ADN (gène ou fragment de gène) provenant du prélèvement étudié. La séquence amplifiée est comparée à d'autres séquences nucléotidiques conservées dans des banques de données : il est ainsi possible d'identifier une bactérie ou un virus. La technique RT-PCR (RT : Reverse Transcriptase) est une PCR après transcription inverse d'un acide ribonucléique (ARN) en ADN complémentaire.

gypti, au milieu urbain (la dengue est souvent qualifiée de maladie "urbaine"). Nous évoquons ici certains paramètres pouvant influencer sur le comportement des vecteurs.

2.1 Environnement naturel

La température

Des températures élevées sont globalement favorables à la transmission de la dengue. En effet, l'élévation de la température réduit la durée d'incubation extrinsèque et augmente la survie des adultes, favorisant ainsi la transmission du virus [Watts *et al.*, 1987]. D'autre part, certains auteurs [Jetten et Focks, 1997] ont montré que des températures élevées produisaient des femelles de plus petite taille qui étaient alors obligées de prendre plus souvent des repas de sang pour obtenir la quantité de protéines nécessaires à la maturation de leurs oeufs; ceci peut avoir comme conséquence l'augmentation du nombre de personnes infectées par une seule femelle. Enfin, la durée de développement des larves à des températures supérieures à 25 degrés est minimale (entre 7 et 10 jours).

Les précipitations

Des précipitations trop fortes sont défavorables à la survie des *Aedes*. De plus, les facteurs principaux qui régulent la population d'*Aedes aegypti* en ville sont le climat et la disponibilité des gîtes; les pluies peuvent avoir des effets positifs sur la population de moustiques en créant ou en augmentant les gîtes de pontes et larvaires à l'extérieur des habitations, ou des effets négatifs en "lessivant" ces gîtes. Par ailleurs, il est cependant possible que l'abondance des moustiques dépendent beaucoup moins de la pluie que des habitudes de la population (en termes de stockage d'eau par exemple).

L'humidité

L'humidité favorise la survie des moustiques [Jetten et Focks, 1997] ainsi que leur dispersion.

Relief

Parmi les paramètres liés à la topographie, l'altitude influe surtout dans la mesure où elle est liée à la température [Carbajo *et al.*, 2001].

Végétation

A priori, la présence de végétation ne joue pas un rôle déterminant, *Aedes aegypti* étant particulièrement bien adapté à la ville. Cependant, certaines espèces végétales, comme les manguiers par exemple, peuvent agir localement en "attracteurs".

Vent

Le vent est un mode de transport passif : les *Aedes* peuvent être transportés jusqu'à plusieurs kilomètres. D'autre part, les densités de moustiques dans les lieux ventés sont moins fortes du fait de cette dispersion.

2.2 Environnement humain

Densité de population

La densité de population est un paramètre important pour le démarrage d'une épidémie. En effet, d'après le modèle présenté dans le chapitre 2 (§2), il existe un seuil sur la population susceptible initiale (S_0) pour qu'une épidémie ait lieu. De trop faibles densités de populations ne permettent pas d'atteindre ce seuil.

D'autre part, les régions de fortes densités de population correspondent à des zones propices au développement des vecteurs de la dengue. En effet, *Aedes aegypti* étant un vecteur domestique, adapté au milieu urbain, les fortes densités de populations humaines favorisent le développement de populations vectorielles denses parce qu'elles sont en général liées à un nombre de gîtes de ponte et de gîtes larvaires artificiels plus important. De plus, la dispersion d'*Aedes aegypti* étant faible, la propagation de la dengue sur de plus longues distances est assurée par le déplacement des hôtes et donc facilitée par les fortes concentrations humaines.

Ce facteur est néanmoins contrebalancé par la constitution d'une immunité dans la population [Deubel et Rodhain, 1999].

Type d'habitat

Le type d'habitat reflète les habitudes et les comportements des populations humaines et peut donc a priori être relié au nombre, à la disponibilité (gîtes permanents ou non) et au type des gîtes artificiels (fûts, pots de fleurs, détritiques, etc.), paramètres qui déterminent des conditions propices ou non à la prolifération des moustiques [Bohra et Handrianasolo, 2001]. D'autre part, il s'agit également d'un indicateur de la vulnérabilité des populations, dans le sens où selon le type de quartier, les habitants n'ont - toujours a priori - pas les mêmes comportements pour se protéger (habitations climatisées, utilisation de moustiquaires, d'insecticides, etc.) [Reiter *et al.*, 2003].

Les voies de communications

La rapidité des moyens de transports actuels (aériens, terrestres) et la fréquence des déplacements favorisent l'expansion de la dengue d'une région à une autre et l'introduction de nouveaux sérotypes par des personnes infectées : les routes empruntées par les hommes sont donc celles empruntées par la dengue.

3 Utilisation des outils géomatiques pour la surveillance et l'étude de la dengue

Nous présentons ici les exemples (rares) d'utilisation de données de télédétection ou de SIG pour l'étude de la dengue.

3.1 Utilisation de photographies aériennes pour la détection des gîtes larvaires

A notre connaissance, il existe une seule étude sur l'utilisation d'images de télédétection pour la surveillance de la dengue reportée dans la littérature. Il s'agit d'une étude réalisée en Australie pour tenter de retrouver par interprétation de photographies aériennes (couleur et infrarouge) deux caractéristiques d'habitat utiles pour le calcul d'un indice de présence de gîtes larvaires d'*Aedes aegypti*, à une échelle très locale (la maison)[Moloney *et al.*, 1998]. Les paramètres recherchés dans les images sont le niveau d'ombre d'une habitation, et la propreté de la cour.

Les conclusions sont que s'il est possible de retrouver le degré d'ensoleillement d'une habitation à l'aide des photos, le niveau de désordre de la cour (présence de détritrus) est impossible à évaluer, en raison d'une résolution spatiale insuffisante pour la détection des gîtes larvaires. En effet, compte tenu de la taille des récipients choisis par les femelles *Aedes aegypti* pour déposer leurs oeufs (la taille d'une boîte de conserve par exemple), la télédétection ne permet en aucun cas, même à très haute résolution spatiale, de détecter tous les gîtes.

3.2 Établissement de cartes de risque en Argentine

Des cartes du risque d'émergence de la dengue en Argentine ont été générées à partir de différentes cartes thématiques [Carbajo *et al.*, 2001] dans une optique de planification des actions de prévention et de compréhension des mécanismes de la dynamique de la transmission à la limite sud de la distribution du vecteur. L'Argentine est en effet voisine de pays où la dengue est endémique (Brésil, Paraguay, Bolivie), et le vecteur *Aedes aegypti* est présent dans le nord du pays.

Différents facteurs ont été pris en compte et cartographiés (cette étude n'utilise pas la télédétection pour la détermination de ces paramètres) : les densités de population (qui correspondent à la vulnérabilité) ; les routes principales et aéroports (indicateurs du danger d'introduction du virus en provenance de pays endémiques) ; les conditions favorables à la présence du vecteur (urbanisation, altitude, températures journalières minimum, maximum et moyenne), et la probabilité pour que la durée d'incubation extrinsèque soit achevée (en fonction de la température et la durée de vie).

La superposition des différentes cartes permet d'obtenir une carte régionale du risque.

4 Modélisation de la dynamique de la dengue

La manière "naturelle" de modéliser une maladie à transmission vectorielle comme la dengue consiste à diviser les populations d'hôtes et de vecteurs en classes correspondant aux différents états infectieux (cf. Chapitre 2) : individus susceptibles (S), infectés en période d'incubation (E), infectants (I) et résistants (R). Un système d'équations différentielles permet alors de décrire les flux entre les compartiments et de suivre l'évolution temporelle du nombre d'individus dans les différentes classes.

Ces modèles en compartiments appliqués au cas de la dengue ont été généralement utilisés pour modéliser la transmission de la dengue afin de déterminer les conditions de l'équilibre endémique [Esteva et Vargas, 1998] ou pour étudier l'influence de différents paramètres sur la transmission, comme par exemple l'influence de la structure des classes d'âge [Pongsumpun et Tang, 2001], l'impact de l'utilisation d'insecticides ULV [Newton et Reiter, 1992], la compétition entre deux sérotypes [Feng et Velasco-Hernández, 1997] ou l'effet des processus de transmission verticale [Esteva et Vargas, 2000].

Enfin, pour modéliser la transmission de la dengue, Focks et al. (1995) appliquent un modèle individuel pour le vecteur, afin d'évaluer l'impact de différentes stratégies de lutte contre le vecteur sur l'évolution temporelle du développement d'une épidémie.

Tous ces modèles ne tiennent pas compte de la dimension spatiale de la maladie et étudient uniquement son évolution temporelle en intégrant le nombre d'individus sur une large zone et en faisant varier l'un ou l'autre des facteurs cités ci-dessus. Il s'agit donc d'étude théoriques qui permettent d'évaluer l'influence de ces facteurs, mais qui ne sont pas adaptées à une utilisation opérationnelle, par exemple pour cibler les régions où appliquer les traitements insecticides.

5 Conclusion

La revue des différents modèles utilisés pour la dengue met bien en évidence les deux principales approches existant actuellement, qui restent bien distinctes. Dans tous les modèles décrits ici, c'est la dimension temporelle de la dynamique de la dengue qui est étudiée et d'autre part, les paramètres environnementaux sont rarement pris en compte. Ainsi, ces modèles théoriques sont utiles pour tester des hypothèses comme celles listées ci-dessus, mais ne sont pas adaptés pour une application opérationnelle de contrôle de la dengue.

Au contraire, dans les applications utilisant les SIG comme dans l'exemple donné en Argentine [Carbajo *et al.*, 2001], c'est la dimension spatiale du risque épidémiologique qui est modélisée à partir de données environnementales, alors que les aspects temporels ne sont pas pris en compte à l'échelle du cycle de transmission de la dengue. Nous allons donc développer une nouvelle approche pour tenter de modéliser à la fois la dynamique spatiale et temporelle de la dengue.

Conclusion de la première partie

Cet état de l'art met en évidence le potentiel de la télédétection pour des études en épidémiologie tout en soulignant certaines limites. D'autre part, la présentation des modèles pour la dynamique des maladies infectieuses en général et de la dengue en particulier montre l'intérêt de lier ces modèles à des données environnementales afin de les rendre plus réalistes et adaptés à un système de surveillance opérationnel. Avant de présenter une telle approche (partie 3), la partie 2 est consacrée à la présentation détaillée de la situation épidémiologique de la dengue en Guyane, région pour laquelle les différentes données ont permis de caractériser la circulation des virus de la dengue à une échelle régionale et locale. Les caractéristiques présentées serviront ensuite de critères de validation interne pour le modèle proposé (partie 4) et d'éléments de discussion pour une proposition d'amélioration de l'organisation du système de surveillance (dernière partie).

Deuxième partie

La dengue en Guyane

Dans cette partie, nous présentons la situation particulière de la dengue en Guyane. Le chapitre 4 est consacré à la description de la situation épidémiologique de la dengue sur toute la région Guyane, tandis que le chapitre 5 présente une étude sur la dynamique d'une épidémie de dengue à l'échelle très locale d'une commune du littoral guyanais, Iracoubo. Il s'agit d'études sur les données rétrospectives, qui mettent en évidence d'une part les processus de propagation de la dengue, à l'échelle régionale et locale, et d'autre part les questions auxquelles un modèle de la dynamique spatiale et temporelle de la dengue permettrait de répondre.

Chapitre 4

Contexte - Circulation de la dengue en Guyane à l'échelle régionale

Le contexte géographique et épidémiologique est d'abord détaillé. Dans un deuxième temps, une étude sur la circulation de la dengue, réalisée à partir de données rétrospectives, est présentée.

1 Contexte

1.1 Contexte géographique

La Guyane est un département français d'Amérique du Sud, situé entre le Brésil et le Surinam, bordé par l'Océan Atlantique (figure 4.1) et d'une superficie de 84 000 km². Sa population (157 213 habitants d'après le recensement de 1999) est répartie principalement sur le littoral et les fleuves frontaliers, le Maroni et l'Oyapock, la forêt couvrant plus de 90 % du territoire. Les principales agglomérations sont la région de Cayenne (composée de trois communes : Cayenne, Rémire-Montjoly et Matoury), et les villes de St-Laurent-du-Maroni et Kourou.

Située entre 2° et 6° de latitude Nord et 52° et 54° de longitude Ouest, la Guyane connaît un climat de type équatorial humide relativement stable, avec de fortes précipitations (de 2000 à 4000 mm/an), une humidité relative moyenne élevée (entre 80 et 90 %) et des températures moyennes de l'ordre de 26,5°C tout au long de l'année [Groussin, 2001]. Les vents (alizés Est/Nord-Est ou Est/Sud-Est selon la saison) sont faibles à modérés et constants dans l'année. Le cycle des saisons (alternance entre saisons des pluies et saisons sèches) est déterminé par la "Zone Intertropicale de Convergence".

1.2 Situation épidémiologique

Concernant la situation sanitaire, la Guyane assume une double appartenance, politique et géographique : à la fois département français bénéficiant d'un système social et de soins perfectionné, et région d'Amérique latine connaissant au même titre que ses pays voisins de graves problèmes de santé publique, notamment un nombre élevé de décès par maladies infectieuses et parasitaires [Bourgarel, 1994].



FIG. 4.1 – La Guyane : limites administratives

Les maladies infectieuses les plus préoccupantes sont les maladies transmises par des insectes vecteurs (parmi lesquelles le paludisme, la fièvre jaune et la dengue), les maladies entériques¹ notamment d'origine hydrique, et le SIDA [Malatre, 2001].

1.3 Cas de la dengue

La dengue était certainement présente en Guyane depuis plus d'un siècle lorsque les premiers cas furent confirmés en 1965. Elle est endémique avec des épidémies tous les 4 à 6 ans [Fouque *et al.*, 1995]. Plusieurs épidémies dues aux virus DEN-1, DEN-2 ou DEN-4 se sont en effet succédées ; la Guyane a connu sa première épidémie de dengue hémorragique en 1991/1992 (DEN-2) [Reynes *et al.*, 1994]. Le virus DEN-3 est arrivé plus récemment en Guyane (épidémie en 2001-2002). Depuis 1986, sont

¹Ce terme regroupe les diarrhées aiguës infectieuses et les infections intestinales bactériennes, virales ou parasitaires

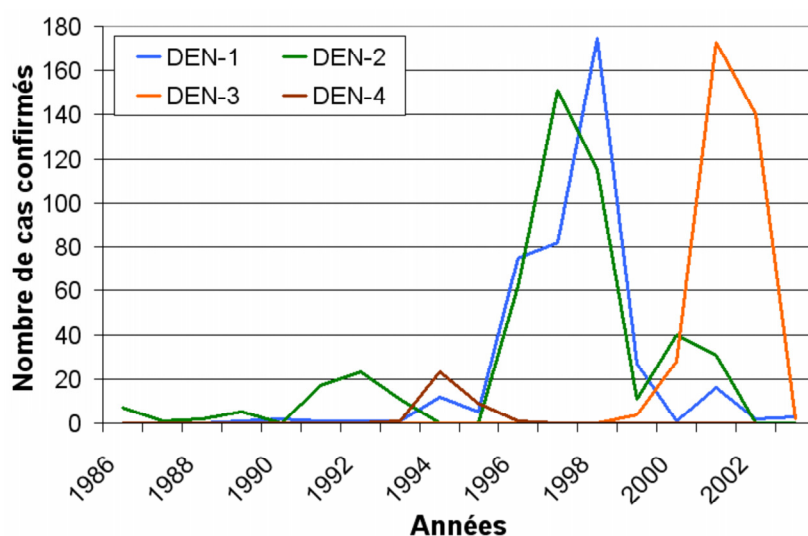


FIG. 4.2 – Les différents sérotypes du virus de la Dengue isolés en Guyane depuis 1986 (source : Centre National de Référence des Arbovirus, Institut Pasteur de la Guyane)

déclarés en moyenne en Guyane 1330 cas suspects de dengue par an. La figure (4.2) présente l'évolution entre 1986 et 2003 du nombre de cas de dengue confirmés pour lesquels le virus a été identifié.

"Classée" en tête des maladies infectieuses prioritaires d'après une enquête réalisée auprès des professionnels de la santé par l'INVS² [Chaud *et al.*, 2001], la dengue est une maladie pour laquelle la lutte préventive contre les vecteurs est prioritaire en Guyane.

1.4 Organisation de la lutte

Le Service Départemental de Désinfection (SDD) est chargé de la lutte contre les moustiques *Aedes aegypti*, seuls vecteurs connus de la dengue en Guyane. Le laboratoire des arbovirus de l'Institut Pasteur de Guyane (IPG), Centre National de Référence (CNR) des arbovirus et virus influenza pour la région Antilles-Guyane, réalise le diagnostic virologique et sérologique de la dengue.

D'autre part, des activités de recherche sur le vecteur *Aedes aegypti* pour améliorer la lutte sont menées par le laboratoire d'Entomologie Médicale de l'Institut Pasteur, et le laboratoire d'Épidémiologie de l'Institut Pasteur assure la coordination locale d'un projet de recherche pour la surveillance de la dengue. Une collaboration avec l'IRD s'est mise en place pour étudier la dynamique spatiale et temporelle de la dengue en Guyane en relation avec des paramètres environnementaux, dans le cadre de laquelle s'inscrit le travail de thèse.

²Institut National de Veille Sanitaire

2 Description de la circulation de la dengue à l'échelle régionale

A partir de données rétrospectives sur la dengue en Guyane (1992-2003), nous avons étudié les processus de circulation de la dengue à une échelle régionale, c'est-à-dire entre les différentes communes de Guyane. L'objectif d'une telle étude est de décrire au mieux la propagation de la maladie à l'échelle régionale à partir de ces données. Nous en discutons ensuite les limites.

2.1 Données épidémiologiques

Le diagnostic virologique de la dengue est effectué par l'Institut Pasteur de la Guyane (CNR). Selon la date du prélèvement sanguin, différentes techniques permettent d'établir le diagnostic.

Nous donnons ici la définition des différentes catégories de cas.

Définition des cas suspects, probables, confirmés

Cas suspects Il s'agit d'une définition basée sur les symptômes cliniques. Un cas suspect de dengue est défini cliniquement par au minimum une fièvre élevée ($\geq 38,5$ °C) de début brutal évoluant depuis moins de dix jours, un syndrome algique (céphalées \pm arthralgies \pm myalgies) et l'absence de point d'appel infectieux.

Cas confirmés Un cas confirmé est un cas suspect de dengue confirmé biologiquement soit par l'identification du virus de la dengue sur un sérum par culture ou par RT-PCR³, soit par la mise en évidence d'une séroconversion IgM ou IgG sur deux sérums (c'est-à-dire une augmentation significative du nombre d'anticorps, les immunoglobulines⁴, entre deux prélèvements).

Cas probables Un cas est dit probable si, lorsqu'un seul prélèvement est disponible pour un patient, le résultat est positif en IgM ou bien si le titrage en IgG par la méthode IHA⁵ est $\geq 1/1280$ (le patient présente des anticorps contre le virus de la dengue, mais celui-ci n'a pas été identifié).

Remarque Ces précisions sont importantes pour la suite du mémoire qui fait appel à ces définitions. En effet, nous serons amenés à utiliser les données rétrospectives sur la dengue en Guyane pour définir certaines des conditions initiales du modèle dynamique de la dengue (présenté dans la partie 3), comme le nombre de personnes susceptibles. La connaissance du détail du diagnostic est donc importante pour la discussion sur l'estimation de ces conditions initiales.

³cf. glossaire

⁴Nom sous lequel on désigne diverses globulines existant dans le sérum sanguin, douées d'une activité anticorps. Leur rôle est essentiel dans la défense de l'organisme contre les agressions. Il existe cinq classes d'Ig, les IgG, IgA, IgM, IgD et IgE.

⁵Inhibition de l'HemAgglutination : méthode utilisée pour le diagnostique sérologique des maladies virales.

Localisation des cas

Les cas ont été localisés, dans le temps, à la date de déclaration des symptômes, et dans l'espace, par commune (une localisation plus précise n'étant pas disponible pour toute la période 1992-2003). L'utilisation d'un Système d'Information Géographique permet de gérer cette information et facilite l'étude de la circulation de la dengue entre les différentes communes.

2.2 Dynamique spatiale et temporelle de la dengue à l'échelle régionale

Méthode

Pour chaque cas confirmé de dengue, les renseignements suivants ont été informés et intégrés dans le SIG : date de naissance, sexe, médecin, ville, date de début de maladie, date de prélèvement, et diagnostic. Une première analyse qualitative permet d'identifier les communes touchées par les différents sérotypes de dengue et leur répartition. Ensuite, une analyse des corrélations temporelles nous permet d'étudier le décalage entre les différentes communes et d'identifier des périodicités éventuelles.

Corrélation croisée entre Cayenne et les autres communes du littoral Nous avons étudié le décalage temporel entre la survenue des épidémies de dengue à Cayenne et dans les autres villes principales du littoral (Rémire-Montjoly, Matoury, Kourou et St-Laurent). Il s'agit d'une étude de corrélation entre deux séries temporelles : en faisant varier le décalage temporel entre les deux séries (par pas de un mois) les variations du coefficient de corrélation (r^2) entre les deux séries sont observées.

Auto-corrélation temporelle Pour chaque sérotype de dengue, nous avons calculé la fonction d'auto-corrélation afin de déterminer s'il existe une périodicité dans la survenue des épisodes de dengue. Cette fonction consiste à évaluer la corrélation entre une série temporelle et ses translatées temporelles.

Résultats

Description générale Les quatre sérotypes de la dengue ont circulé en Guyane depuis 1992 dans les communes du littoral principalement : les communes de l'Île de Cayenne (Cayenne, Rémire-Montjoly et Matoury), St-Laurent et Kourou. Quelques cas ont été diagnostiqués dans les petites communes du littoral (Macouria, Iracoubo, St-Georges, Mana, Cacao) et très peu dans l'intérieur (Apatou, Maripasoula) (figure 4.3).

De manière générale, les communes de l'île de Cayenne subissent les mêmes dynamiques de la dengue, tandis qu'il apparaît des décalages temporels parfois de quelques mois avec les autres communes du littoral. L'objectif de l'analyse des corrélations temporelles est de préciser les valeurs de ces décalages.

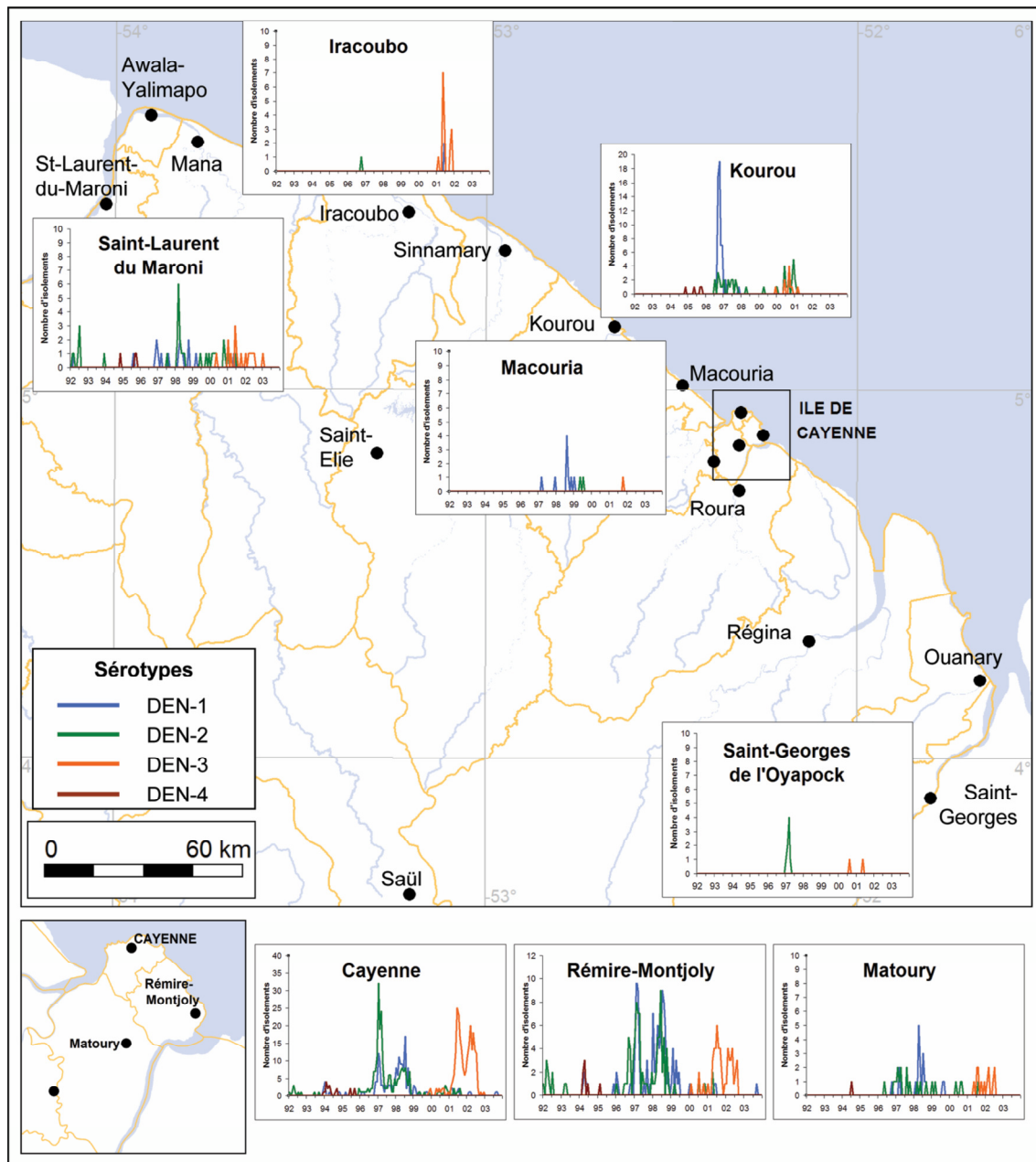


FIG. 4.3 – Nombre de cas confirmés (isolement du virus) entre 1992 et 2003 en Guyane : communes de Cayenne, Rémire-Montjoly, Matoury, Macouria-Tonate, Kourou, St-Laurent du Maroni, St-Georges et Iracoubo (Source : CNR Institut Pasteur de la Guyane)

Corrélation croisée entre Cayenne et les autres communes du littoral Les résultats (Tableau 4.1) indiquent un faible décalage (inférieur ou égal à un mois) entre Cayenne, Rémire-Montjoly et Matoury ; ces trois communes forment donc un ensemble homogène, celui de l'Île de Cayenne. Par-contre le décalage est plus important avec Kourou et St-Laurent, communes du littoral plus éloignées : les valeurs de décalages sont variables et reflètent les déplacements aléatoires de populations qui ont permis la propagation du virus d'une ville à l'autre. Les cases vides du tableau

(cas de la dengue-4) indiquent que les inter-corrélations ne sont pas significatives du fait du trop petit nombre de cas confirmés.

Sérotype	Villes	Rémire		Matoury		Kourou		St-Laurent	
		déc.*	r^2	déc.	r^2	déc.	r^2	déc.	r^2
DEN-1	Cayenne	-1	0.79	-1	0.57	+4	0.45	+1	0.55
DEN-2	Cayenne	-1	0.75	-1	0.63	+4	0.39	+14	0.64
DEN-3	Cayenne	0	0.89	-1	0.73	+9	0.52	0	0.65
DEN-4	Cayenne	-	-	-	-	-	-	-	-

*Un décalage (déc.) négatif entre Cayenne et une autre commune indique que l'épidémie est d'abord survenue à Cayenne ; dans le cas d'un décalage positif, après.

TAB. 4.1 – Corrélations croisées de l'évolution temporelle des sérotypes de dengue-1, -2, -3, -4 entre différentes communes du littoral guyanais (r^2 est le coefficient de corrélation entre deux séries temporelles).

Auto-corrélation temporelle Les résultats montrent l'existence pour chaque sérotype de deux "vagues épidémiques" espacées de 9 à 15 mois (figure. 4.4). Ainsi, après un premier pic épidémique causé par un sérotype, un deuxième pic est observé l'année suivante. Ensuite, la circulation du virus est limitée, pendant une période inter-épidémique de quelques années (5 et 6 ans pour les sérotypes dengue-1 et dengue-2).

Discussion

Intérêt pour la surveillance Les cas confirmés de dengue ne sont que la "partie émergée de l'iceberg" (l'incidence réelle est largement sous-estimée) et leur localisation, par commune, reste approximative. Cependant, en faisant l'hypothèse que la sous-estimation des cas est globalement la même dans les différentes communes, l'analyse de l'incidence des cas à cette échelle donne une information générale sur la circulation de la dengue entre les différentes communes, avec des implications concrètes pour la surveillance de la dengue.

Cette étude confirme le rôle de la région de l'Île de Cayenne (les trois communes de Cayenne, Rémire-Montjoly et Matoury pouvant être considérées comme appartenant à un même ensemble) comme lieu principal d'introduction ou de réintroduction du virus : les premiers cas d'une épidémie sont toujours déclarés dans ces communes. Il s'agit en effet de l'agglomération principale et la plus ouverte vers l'extérieur (unique aéroport international de la région).

Le décalage positif pour la ville de Kourou indique que même si les premiers cas sont déclarés dans la région de Cayenne, l'épidémie a tendance à se déclarer quelques mois plus tôt à Kourou, du fait peut-être d'un plus grand nombre de personnes susceptibles dans la population. En effet, la population de cette ville connaît une plus forte mobilité géographique que les autres communes de Guyane, ce qui implique que la population ne garde pas d'immunité contre la dengue, du fait de son fort taux

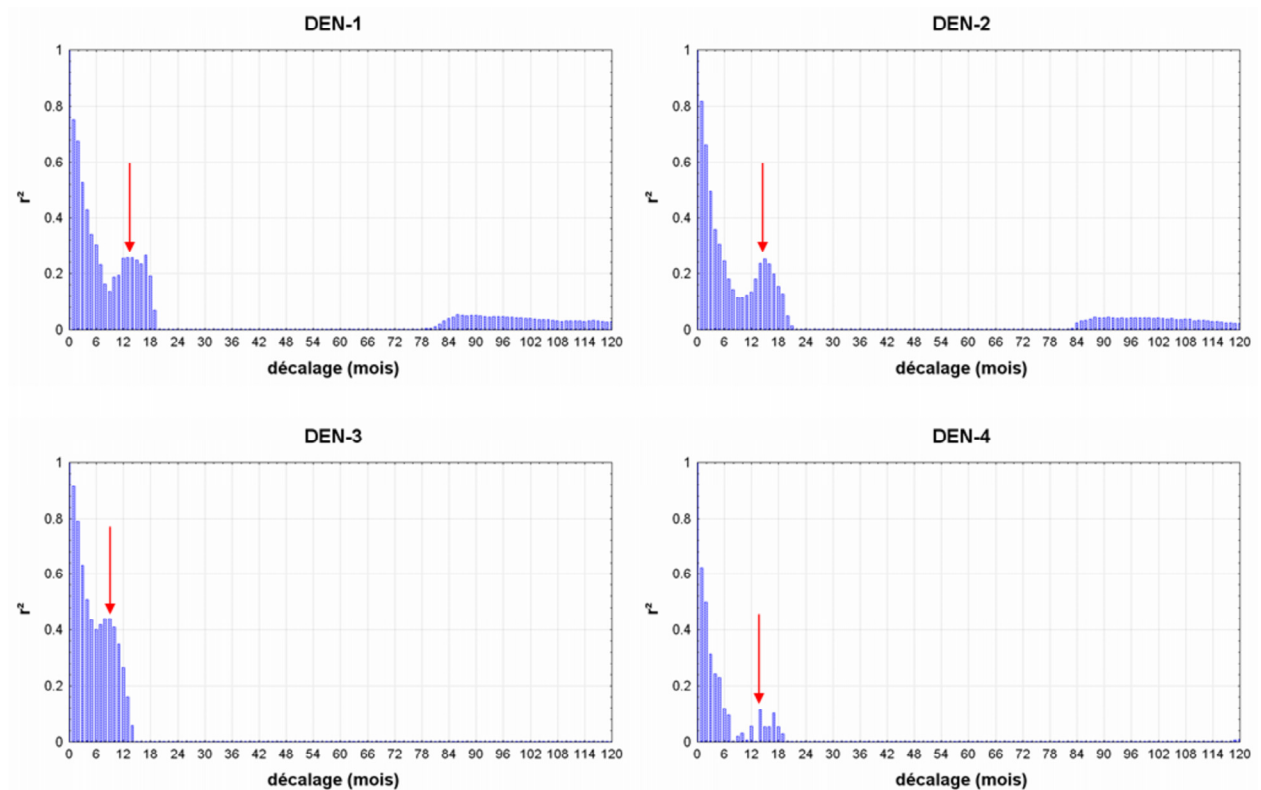


FIG. 4.4 – Fonctions d'auto-corrélation temporelle pour les sérotypes de dengue -1, -2, -3 et -4 sur l'Île de Cayenne. Les flèches en rouge indiquent la deuxième "vague épidémique".

de renouvellement. Ceci met en évidence la nécessité d'évaluer la susceptibilité des populations par rapport aux différents sérotypes de la dengue : nous développerons une telle méthode dans le chapitre 10.

Surtout, la mise en évidence de l'existence de deux vagues successives d'un même sérotype à un an d'intervalle permet de mieux appréhender et mettre en place les campagnes de lutte préventive contre la deuxième vague.

Limites Nous soulignons ici les limites liées à la qualité des données disponibles : du fait du manque de précision sur la localisation des cas, une analyse de la dynamique spatiale de la dengue à une échelle plus fine que l'échelle régionale (localisation par commune) n'est pas envisageable. Des données plus précises sont nécessaires pour étudier la dynamique de la dengue de manière à extraire des informations adaptées à la surveillance de la maladie, surveillance qui passe par le contrôle des populations vectorielles à une échelle très locale. Ceci met en évidence la nécessité d'un recueil centralisé des données sur la dengue, comprenant le géoréférencement des cas.

3 Conclusion

Dans ce chapitre nous avons présenté le contexte de la dengue en Guyane et nous avons étudié la dynamique de la dengue à partir des données rétrospectives disponibles.

Certaines caractéristiques de la propagation de la maladie utiles pour la surveillance et le contrôle de la dengue ont pu être mises en évidence. Cependant, une telle étude souligne la nécessité d'avoir des données plus précises sur la localisation des cas pour pouvoir analyser les processus de circulation de la dengue à l'échelle spatiale adaptée à la lutte anti-vectorielle.

Le chapitre suivant présente une telle étude.

Chapitre 5

Etude de cas - Circulation de la dengue à l'échelle locale. Cas de la commune d'Iracoubo

Dans ce chapitre, nous présentons une étude sur une épidémie de dengue survenue dans la commune d'Iracoubo en 2001. Elle permet d'analyser les processus de circulation de la dengue à une échelle très locale et de caractériser la dynamique d'une épidémie. Les résultats mettent en évidence l'intérêt de développer un modèle de la diffusion des moustiques vecteurs de la dengue à une échelle locale.

1 Contexte

1.1 Site de l'étude

Iracoubo est une commune du littoral guyanais (figure 5.1), qui compte 1 428 habitants (recensement de 1999) répartis principalement sur le bourg d'Iracoubo (550), le village amérindien Bellevue (452), et les hameaux de Dégrad Savane, Organabo et Trou Poisson [INSEE, 1999]. Géographiquement, elle est traversée par le fleuve Iracoubo et la rivière Counamama. Le nord de la commune est couvert de zones marécageuses ("pripris"), de mangroves et de quelques savanes isolées dans un vaste ensemble forestier [Barret, 2001]. La commune est traversée d'est en ouest par la route nationale (RN1) qui la relie aux communes voisines du littoral.

1.2 Données épidémiologiques

En 2001, une importante épidémie de dengue-3 est survenue en Guyane. Ce sérotype n'avait pas circulé en Guyane avant 1999, où les premiers isolements du virus DEN-3 datent de décembre 1999 (CNR, Institut Pasteur). Dans la commune d'Iracoubo, l'épidémie a touché le bourg d'Iracoubo et le village Bellevue situé 5 km à l'ouest. 162 cas suspects ont été déclarés entre avril et novembre 2001, soit 11,3 % de la population. Le travail effectué par le personnel du centre de santé d'Iracoubo pour recenser tous les cas a permis d'obtenir une description complète de l'évolution de l'épidémie.

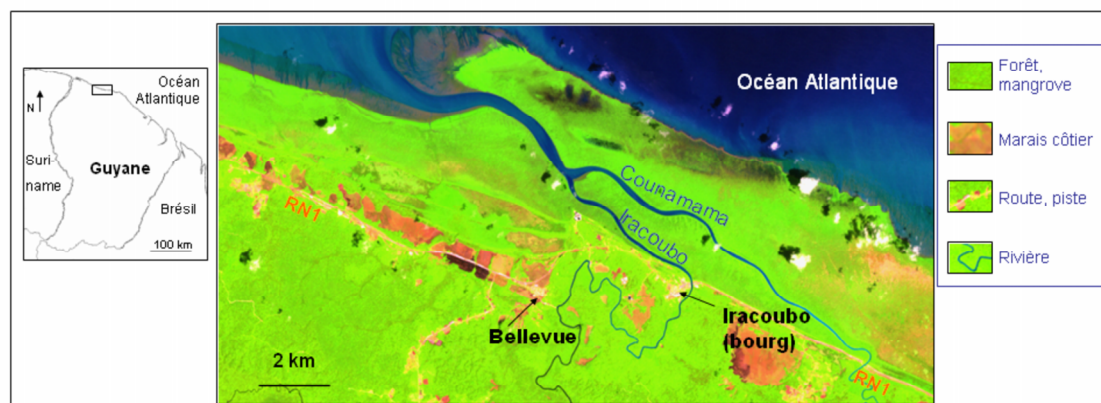


FIG. 5.1 – Localisation du village d'Iracoubo (Fonds : image Landsat TM, copyright USGS)

Définition des cas suspects, probables, confirmés Elles sont les mêmes que celles données précédemment (Chapitre 4). Par la suite, considérant que dans le cas d'une épidémie avec des taux d'incidence¹ très élevés comme celle d'Iracoubo, la probabilité pour qu'un cas classé "probable" soit effectivement un cas de dengue est élevée [Deparis *et al.*, 1998a], nous avons inclus les cas probables dans le groupe des cas confirmés.

Résultats des analyses sérologiques Parmi les 162 cas suspects, 57 ont fait l'objet d'un prélèvement sanguin analysé au Centre National de Référence des Arbovirus, IPG. Parmi les 57 cas prélevés, 32 ont été confirmés (56,1 %), 4 n'ont pu être déterminés et 21 se sont avérés négatifs (Tableau 5.1). La majorité des cas confirmés étaient du sérotype DEN- 3 (90 %).

Nombre de cas	Centre d'Iracoubo	Bellevue	Total
Suspects	93	69	162
Prélevés	34	23	57
Négatifs	14	7	21
Indéterminés	1	3	4
Positifs	19	13	32
Confirmés	14	8	22*
Probables	5	5	10

*19 DEN-3, 2 DEN-1, 1 Séroconversion

TAB. 5.1 – Résultats des analyses sérologiques ; épidémie de dengue, Iracoubo, avril-novembre 2001

¹Le taux d'incidence est égal au nombre de nouveaux cas pendant une période donnée divisé par le nombre de personnes vulnérables pendant cette période

1.3 Intégration dans un SIG

Localisation dans l'espace Tous les cas suspects ont été localisés à leur adresse résidentielle sur un plan cadastral (1 :1 000). Nous avons utilisé des photographies aériennes pour préciser la localisation des maisons. Les coordonnées géographiques de ces cas ont été intégrées dans un Système d'Information Géographique avec les informations suivantes : numéro d'identifiant, date de déclaration de symptômes, âge, sexe et diagnostic (cas suspect, probable, confirmé). Le logiciel de SIG utilisé est Geoconcept 5.5 [Geoconcept, 2000].

Le choix de la localisation des patients à leur domicile se justifie par plusieurs études qui montrent que le risque d'exposition est plus important à la maison car les moustiques femelles *Aedes aegypti* sont endophiles¹ et prennent leur repas sanguin souvent tôt le matin ou en soirée, heures où les gens sont habituellement chez eux [Rodhain, 1996]. Selon le cas des causes de nature socio-économique (ou culturelle) peuvent également être invoquées ; par exemple, en Guyane le taux de chômage élevé² renforce cette hypothèse car les gens passent alors davantage de temps chez eux.

Localisation des cas dans le temps Tous les cas suspects ont été "localisés" dans le temps à la date de déclaration des symptômes. Nous avons vérifié qu'il n'existait pas de biais dans cette déclaration par les patients, c'est-à-dire que tous les jours de la semaine sont également cités comme jour de déclaration des symptômes.

2 Description de l'épidémie

2.1 Évolution temporelle de l'épidémie

Le premier cas suspect de dengue a été reporté le 10 avril 2001 ; le premier cas confirmé date du 22 avril. Ensuite l'épidémie s'est répandue très rapidement dans le village, avec un décalage temporel entre le bourg d'Iracoubo et Bellevue (figure 5.2). En effet, tous les cas confirmés de dengue survenus dans le bourg d'Iracoubo sont survenus entre avril et juillet, alors que la majorité des cas confirmés à Bellevue se sont déclarés bien plus tard, entre octobre et novembre (76,9 %).

A Bellevue, la situation est légèrement différente : après un démarrage plus lent que dans le bourg d'Iracoubo, l'évolution de l'épidémie est interrompue³ entre les semaines 15 et 24. A partir de septembre, l'épidémie de dengue reprend à Bellevue, avec un développement analogue à celui de l'épidémie du centre d'Iracoubo (même vitesse, même taux d'incidence final : autour de 16 % pour les cas suspects, 3 % pour les cas confirmés ; ces taux étant calculés sur toute la durée de l'étude).

¹un vecteur est *endophile* s'il demeure quelque temps dans les habitations après s'être gorgé de sang. Par opposition à *exophile* qui concerne les vecteurs qui ne sont rencontrés que dans la nature.

²30 % de la population active en 1999 [Guillemet, 2001].

³vraisemblablement en raison des actions du service de démoustication en juin (pulvérisation ULV et destruction des gîtes larvaires) suivies d'une faible pluviométrie qui empêche la reconstitution des gîtes.

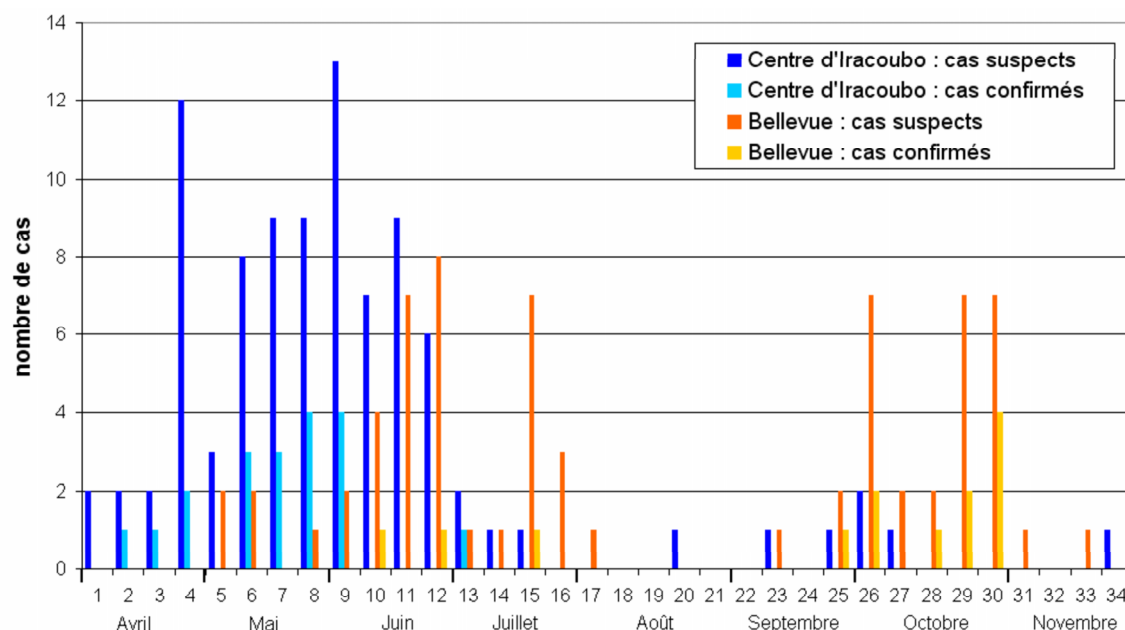


FIG. 5.2 – Nombre hebdomadaire de cas de dengue (suspects et confirmés), commune d'Iracoubo, Avril-Novembre 2001

2.2 Évolution spatiale de l'épidémie

La localisation de chaque patient à son domicile permet de faire le suivi de la propagation de l'épidémie à l'intérieur du village (figure 5.3). A Iracoubo comme à Bellevue, le premier constat est que l'épidémie s'est rapidement propagée à l'intérieur de chacun des deux villages, avec des cas survenus dans tous les quartiers et toutes les rues.

Cependant, la carte de répartition des cas met en évidence l'existence d'agrégats spatiaux de cas ("cluster"), dans une même maison, ou bien entre deux ou trois maisons voisines. Cette observation illustre bien les deux modes de diffusion spatiale d'une épidémie de dengue, décrits par ailleurs [Morrison *et al.*, 1998] :

- une diffusion due aux déplacements des moustiques vecteurs autour d'une maison et de son voisinage direct ;
- une diffusion due aux déplacements humains à l'intérieur de la commune, permettant à l'épidémie de se propager de foyer en foyer.

Remarque Nous reviendrons par la suite sur cette description (évolution temporelle, localisation des foyers) ; en effet, ces données serviront à valider les sorties du modèle proposé pour la dynamique de la dengue (chapitre 12).

3 Analyse de la dynamique de l'épidémie

Dans cette partie nous utilisons des outils statistiques pour préciser les limites spatiales et temporelles des agrégats apparents sur Iracoubo et en déduire le risque



FIG. 5.3 – Répartition des cas de dengue dans le centre d'Iracoubo : semaines 3, 6, 9 et 12.

d'occurrence d'un nouveau cas de dengue en fonction des distances (spatiale et temporelle) à un premier cas.

3.1 Méthode

Par une analyse spatiale et temporelle des cas de dengue reportés lors d'une épidémie à Puerto-Rico, Morrison *et al.* (1998) ont démontré l'existence d'agrégats sur des faibles distances spatiales et de courts laps de temps. Cependant les limites de ce regroupement n'ont pas été précisément évaluées. Nous avons adapté la méthode (test de Knox) afin de préciser ces limites pour le cas d'Iracoubo.

Test de Knox

Soit n cas localisés dans le temps et dans l'espace. L'objectif étant d'évaluer le risque d'occurrence d'un nouveau cas de dengue en fonction de sa distance à un premier cas théorique, nous regardons toutes les paires de cas. Il s'agit de déterminer si une corrélation existe entre les distances spatiales et temporelles de ces cas de dengue, c'est-à-dire si les cas proches dans le temps le sont aussi dans l'espace.

Pour chaque paire de cas (il existe $\frac{n \cdot (n-1)}{2}$ paires de cas, soit, pour Iracoubo, 496 paires de cas confirmés et 13 041 paires de cas suspects), il est possible de

calculer la distance qui les sépare dans le temps (en jours) et dans l'espace (en mètres). On peut alors définir une paire de cas comme étant proche dans le temps si leur séparation temporelle est inférieure à un seuil t_0 , et proche dans l'espace si leur séparation spatiale est inférieure à un seuil s_0 , s_0 et t_0 étant définis indépendamment des données.

Le test de Knox évalue, pour un seuil (t_0, s_0) donné, si le nombre de paires de cas proches dans le temps et dans l'espace (noté x) est significativement différent du nombre de paires de cas que l'on aurait obtenu par chance, lorsque les dates d'occurrence des cas sont redistribuées de manière aléatoire parmi les localisations (noté x') [Knox, 1964]. La fiabilité du résultat obtenu est estimée par le calcul du paramètre p qui est le rapport du nombre de simulations pour lesquelles x' est supérieur à x au nombre total de simulations. Ce paramètre p représente la probabilité d'erreur induite par l'acceptation des résultats comme valides.

Le quotient entre le nombre de paires de cas trouvées aux distances particulières s_0 et t_0 et le nombre de paires de cas trouvées à ces mêmes distances dans le cas d'une distribution aléatoire peut être considéré comme un *indice de risque relatif* (RR) d'occurrence d'un nouveau cas, t_0 jours après et à moins de s_0 mètres d'un premier cas théorique de dengue.

Remarque Les résultats d'une telle méthode dépendront forcément du contexte géographique (position, distance des maisons). Ceci sera discuté par la suite (§3.3).

Application

Nous avons calculé le test de Knox pour les cas confirmés et les cas suspects⁴, en faisant varier les distances temporelles (t_0) entre 1 et 200 jours (durée totale de l'épidémie) avec un pas de 1 jour, et les distances spatiales (s_0) entre 5 et 6 500 mètres, avec un pas de 5 mètres. L'application de cette méthode pour le cas d'Iracoubo est justifiée par le fait que le nombre de paires de cas est grand.

Une carte de l'indice de risque relatif a ensuite été générée par l'interpolation des valeurs significatives (pour lesquelles $p \leq 0,05$); l'interpolation a été effectuée par krigeage. Le résultat final est donc une représentation des variations du risque relatif d'occurrence d'un second cas de dengue, lorsque les distances spatiales et temporelles varient (figure 5.4).

3.2 Résultats

Une première analyse des variations de l'indice de risque relatif lorsque l'on fait varier les distances spatiales et temporelles met en évidence une aire de risque principale pour laquelle le risque relatif est significativement supérieur à 1 (figure 5.4-a). Cette région correspond à une augmentation significative du risque théorique d'observer de nouveaux cas de dengue à moins de 100 mètres et moins de 20 jours après un premier cas de dengue.

Dans un deuxième temps, une analyse plus détaillée montre une forte hétérogénéité, avec l'existence d'une zone à très haut risque ($RR > 5$) pour de courtes distances

⁴voir les définitions des cas de dengue au chapitre 4.

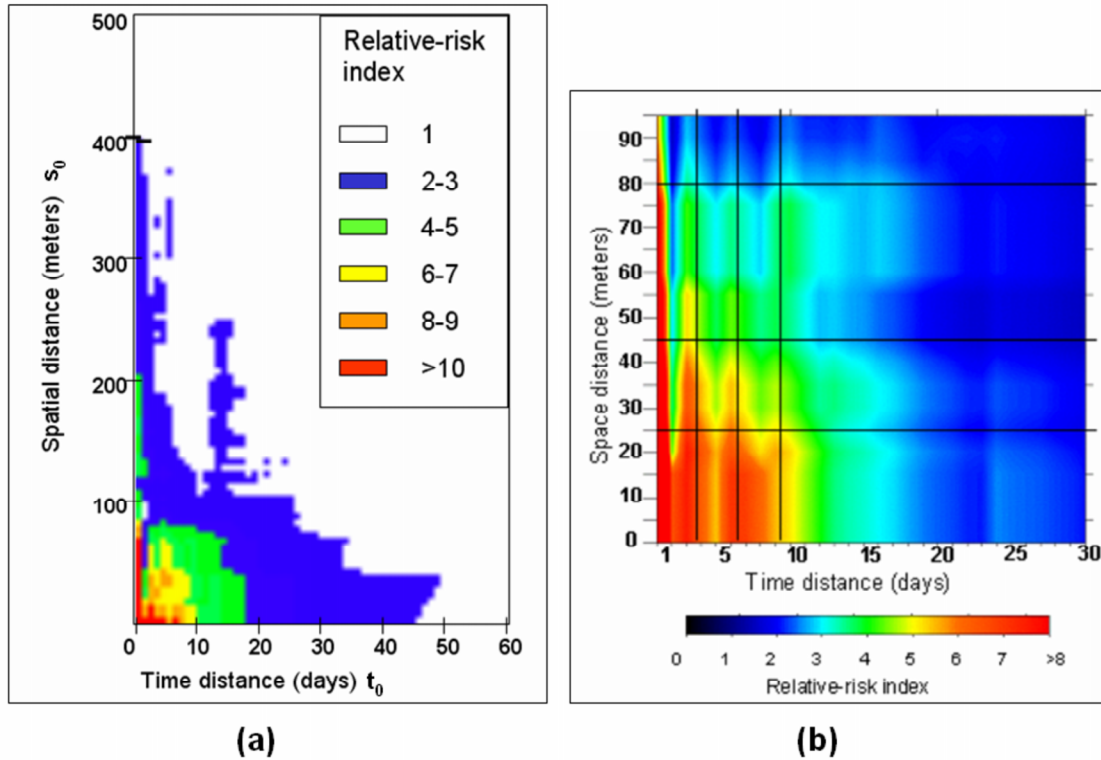


FIG. 5.4 – Représentation de l'indice de risque relatif (RR), calculé à partir des cas confirmés de dengue à Iracoubo. Cet indice évalue le risque d'occurrence d'un deuxième cas de dengue en fonction de la distance temporelle t_0 (en jours) et spatiale s_0 (en mètres) à un premier cas théorique. (a) : variations de RR pour $t_0 \in [0; 60]$ et $s_0 \in [0; 500]$. (b) : détail de (a) pour $t_0 \in [0; 30]$ et $s_0 \in [0; 100]$. Extrait de [Tran *et al.*, 2004].

et de faibles laps de temps (figure 5.4-b). De plus il apparaît des motifs particuliers, comme une périodicité temporelle marquée (avec des pics environ tous les trois jours) et des ruptures spatiales (25, 45, 80 mètres).

Enfin, il existe une forte correspondance entre les résultats obtenus à partir des cas confirmés seuls et ceux obtenus à partir de tous les cas suspects. Même si l'indice de risque relatif prend des valeurs différentes, elles sont fortement corrélées ($r=0,93$).

3.3 Discussion

Les principaux résultats de cette analyse confirment le caractère focal (développement par foyer) de la dengue décrit dans la littérature et bien connu en général, mais permettent surtout de fixer des valeurs quantitatives, dans le temps et dans l'espace, aux limites du foyer de transmission.

Interprétation du diagramme de Knox

Les variations mises en évidence dans les cartes de l'indice de risque relatif (figure 5.4-b) semblent cohérentes avec des paramètres entomologiques et épidémi-

logiques. En effet, la périodicité temporelle de trois jours peut correspondre à la durée du cycle gonotrophique. Après l'infection d'un moustique femelle *Aedes aegypti* sur une personne infectante, ce moustique sera à son tour infectant après la durée d'incubation extrinsèque ; de nouveaux cas de dengue apparaîtront après la durée d'incubation intrinsèque (chez l'homme). Si le même moustique prend un repas sanguin tous les trois jours (durée estimée du cycle gonotrophique) et si les durées d'incubation intrinsèque et extrinsèque sont constantes, alors de nouveaux cas de dengue doivent apparaître tous les trois jours après un premier cas.

D'autre part, les ruptures spatiales, elles, correspondent aux distances entre les maisons. Le calcul de la distance moyenne entre les maisons (à partir des photographies aériennes géoréférencées et insérées dans le SIG) indique en effet que le voisinage direct de chaque maison est inclus dans un rayon de 25 mètres de diamètre ce qui correspond à la zone à très haut risque de dengue (figure 5.4-b). Les deux pics suivants, à 45 et 80 mètres correspondent donc respectivement à la 3^e et la 4^e maisons voisines. Ces observations traduisent donc la variabilité des résultats d'une telle analyse en fonction du contexte géographique qui a été évoquée précédemment.

Intérêt pour la lutte anti-vectorielle

Ces résultats montrent que la description objective d'une épidémie de dengue à l'aide d'un SIG permet la définition, à l'échelle d'une ville, de périodes et de régions à risque, définition nécessaire à la mise en place d'une stratégie de lutte. La forte corrélation entre la carte de risque relatif générée à partir des cas confirmés de dengue et celle générée à partir de tous les cas suspects suggère qu'un programme de surveillance peut se baser sur les cas suspects, de manière à éviter le délai nécessaire au diagnostic virologique (environ trois semaines).

En raison de la durée de l'incubation intrinsèque (environ 5 jours), période pendant laquelle les symptômes chez le premier cas ne se sont pas encore déclarés mais où d'autres personnes peuvent être infectées, il n'y a aucun moyen de réduire le premier pic important de risque de dengue. Le contrôle anti-vectoriel pourrait réduire par-contre les pics secondaires (3, 6, et 9 jours après le premier pic) (figure 5.4-b), à condition de connaître très rapidement la localisation des patients. Concrètement, ces résultats semblent indiquer que la lutte anti-vectorielle devrait être ciblée d'abord sur l'intérieur des maisons et contre les moustiques adultes, dans un rayon de 100 mètres autour d'une première maison touchée.

Limites

La description détaillée de l'épidémie a permis de mettre en évidence et caractériser la diffusion de la dengue sur des foyers très localisés dans l'espace et le temps. Des limites peuvent être discutées cependant. En effet, comme cela a été évoqué, les résultats d'une telle analyse dépendent fortement de la géographie de la zone étudiée (distance entre les maisons en particulier).

Des questions se posent donc : comment expliquer la valeur des limites spatiales et temporelle des foyers identifiées pour le cas d'Iracoubo ? Par exemple, la distance spatiale de diffusion serait-elle la même dans un autre contexte, sur des quartiers différents ? D'autre part, comment expliquer la limite temporelle du risque et quels sont

les facteurs d'extinction d'un foyer ? Enfin, il serait intéressant de pouvoir simuler quel serait l'impact d'actions de démoustication sur la dynamique de l'épidémie.

Toutes ces questions mènent à la construction d'un modèle de la diffusion de la dengue par son vecteur, modèle présenté dans la partie suivante.

4 Conclusion

Ce chapitre, complémentaire du chapitre précédent sur la circulation de la dengue à l'échelle de toute la Guyane, nous a permis d'analyser les processus de circulation de la dengue à l'échelle locale d'une petite ville (rappelons que cette étude a été rendue possible grâce au recueil complet des cas de dengue effectué par le médecin du centre de santé d'Iracoubo, mais que de telles données précises sur la dengue sont rarement disponibles). Ici, l'utilisation des outils géomatiques a permis de mettre en évidence un processus de diffusion de la dengue en foyers, liés à la diffusion des moustiques vecteurs et de caractériser de manière empirique les limites de ces foyers.

L'implication de ces résultats en termes de lutte anti-vectorielle a été discutée. Comme précédemment, il apparaît qu'un système de surveillance incluant la localisation des patients dans un SIG, couplée aux résultats du diagnostic permettrait de cibler rapidement les foyers à risque dès la déclaration d'une épidémie et ainsi d'améliorer les stratégies de lutte. Ceci implique la mise en place d'un recueil de données "temps réel" très réactif.

Cependant nous avons montré les limites de la méthode statistique utilisée. Un modèle de la diffusion des vecteurs de la dengue prenant en compte, à travers le paysage, du contexte géographique de l'étude, permettrait de caractériser la taille des foyers de dengue de manière plus générique. Cet outil pourrait être alors employé dans des contextes différents pour des simulations permettant de cibler et d'évaluer l'impact des stratégies de lutte anti-vectorielle.

Conclusion de la deuxième partie

Dans cette partie les caractéristiques principales de la dengue en Guyane ont été présentées. Compte tenu des analyses descriptives menées à deux échelles différentes, l'apport des outils géomatiques à la surveillance est discuté en fonction des besoins.

A l'échelle régionale, un système de surveillance incluant la localisation des patients et intégrant l'information dans un SIG pourrait permettre d'identifier rapidement les communes à risque et de cibler les actions de lutte. Ceci sera discuté dans la dernière partie.

A l'échelle locale, le développement d'une épidémie est lié à la création de foyers de diffusion. C'est à ce niveau-là qu'un modèle dynamique de la dengue, intégrant les paramètres environnementaux, pourrait permettre la réalisation d'un outil de simulation adapté au contrôle des populations vectorielles, actuellement le seul moyen de lutte contre la dengue. Cette approche permettrait d'une part de mieux comprendre la diffusion d'une épidémie à une échelle locale (quartier, ville), et d'autre part de guider les actions de démoustication. Un tel modèle est proposé dans la partie suivante.

Troisième partie

Modélisation de la dynamique de la dengue à partir de données environnementales

Cette troisième partie établit les équations d'un modèle pour la dynamique spatiale et temporelle d'une maladie à transmission vectorielle comme la dengue. Une équation de diffusion est adaptée pour décrire la dynamique des populations de vecteurs. Ce modèle de diffusion est ensuite lié à un modèle en compartiments pour traduire les processus de transmission de la dengue. Le modèle de diffusion pour des insectes vecteurs, basé sur des données environnementales et la connaissance de l'écologie des insectes, est présenté dans le chapitre 6. Dans le chapitre 7, nous détaillons les méthodes pour le calcul des paramètres du modèles de diffusion. Le chapitre 8 reprend les équations établies dans le chapitre 6 pour décrire le modèle de la dynamique de la dengue. Le chapitre 9 concerne la résolution numérique du système et présente des simulations sur des paysages artificiels.

Chapitre 6

Modélisation de la diffusion des insectes

Dans ce chapitre, nous détaillons le modèle pour la dynamique spatiale et temporelle des insectes vecteurs. Nous constatons en effet que dans un grand nombre de cas, cette dynamique de la distribution des insectes est dépendante de paramètres environnementaux et peut être décrite par un processus de diffusion. Les objectifs d'une telle approche sont présentés (section 2). Le modèle général de diffusion est détaillé en section 3 et les échelles spatiale et temporelle pour lesquelles le modèle de diffusion des insectes a un sens sont définies (section 4). Dans cette équation, l'action des forces agissant sur les insectes est incluse de manière indifférenciée dans un tenseur de diffusion. Nous proposons une nouvelle équation de diffusion tenant compte de manière explicite de différents phénomènes : le phénomène de transport, l'action des forces attractives et répulsives, et la rugosité du paysage (section 5).

1 Introduction

Les caractéristiques environnementales comme le type d'occupation du sol, la végétation, la température, l'humidité sont souvent des indicateurs clefs de la distribution des insectes. C'est ainsi que de nombreuses applications de la télédétection dans le domaine de l'épidémiologie (cf. chapitre 1) sont basées sur la cartographie de ces caractéristiques pour identifier les zones de plus fortes densités d'insectes vecteurs. Cependant ce type de méthode aboutit le plus souvent à une cartographie "statique" du risque, c'est-à-dire que des cartes de risque (correspondant à des conditions environnementales favorables) sont créées mais que la variation temporelle de la distribution des vecteurs n'est pas modélisée.

Pourtant il serait intéressant de connaître à la fois la dynamique spatiale et temporelle de la distribution des vecteurs. En effet, pour le cas de maladies à transmission vectorielle comme la dengue (cf. chapitre 5) la propagation spatiale de la maladie est liée à la diffusion des vecteurs (création de foyers) ; la connaissance de ce processus dynamique permettrait d'une part de mieux cibler les actions de lutte anti-vectorielle, et d'autre part de pouvoir simuler l'impact de telles actions sur le développement de la maladie.

Outre les modèles de diffusion appliqués directement à la maladie (cf. chapitre 2),

des modèles de diffusion ont été développés pour caractériser la dynamique de populations d'insectes [Shigesada *et al.*, 1986] [Sharov, 1996] [Okubo et Kareiva, 2001]. Il s'agit de modèles de diffusion classiques pour milieux homogènes. Dans ces travaux, le processus de diffusion est adapté pour les insectes *a priori*, or une analyse de l'échelle des mouvements est nécessaire pour rester en dehors des processus des déplacements individuels des insectes. D'autre part, dans ce type de modèle le rôle des paramètres environnementaux et l'hétérogénéité du paysage ne sont pas pris en compte : ces modèles ne sont donc pas adaptés à la mise au point d'outils de simulation pour le contrôle de maladies à transmission vectorielle comme la dengue, pour laquelle comme nous l'avons vu le rôle de l'environnement est crucial.

Les données de télédétection, et l'information qu'elles contiennent sur l'environnement, pourraient permettre de rendre ces modèles plus réalistes et adaptés à des mesures concrètes de contrôle des populations d'insectes.

C'est en nous basant sur ces réflexions que nous proposons un nouveau modèle de diffusion pour des populations d'insectes.

2 Modèle général de diffusion

Pour décrire la diffusion des insectes nous utilisons une équation de diffusion classique ; cependant nous l'obtenons ici par des passages à la limite qui, s'ils sont facilement justifiés pour des problèmes électriques ou mécaniques, ne se justifient pas sans une discussion approfondie (cf. §3). Nous reprendrons donc ici pas à pas l'équation de diffusion.

2.1 Objectifs

Avant d'entrer dans les détails du modèle, les objectifs de l'approche doivent être précisés.

Il s'agit de pouvoir simuler la dynamique de populations d'insectes, à des échelles de temps et d'espace pour lesquelles les traitements insecticides sont opérationnels (épandages aériens, etc.). Le modèle doit être capable de simuler l'évolution des densités d'insectes sur une période de temps suffisamment longue pour prendre en compte un traitement insecticide et d'en simuler l'impact sur les populations (taux de réduction des populations d'insectes, temps de régénération de ces populations).

Une autre application du modèle serait de déterminer les types de paysages les plus favorables à la diffusion d'insectes, et la manière dont la diffusion est orientée en fonction de la structure du paysage.

Enfin, l'objectif de ce chapitre en particulier est de présenter le modèle de manière générale, de façon à présenter la méthode, qui se veut générique, et non une étude de cas. L'application du modèle au cas particulier de la diffusion des vecteurs de la dengue sera développée par la suite (Partie 4).

2.2 Équation de conservation

Soit une région de l'atmosphère notée \mathbf{A} , correspondant à la zone d'étude. Dans \mathbf{A} , chaque insecte est considéré comme une particule soumise à différentes forces. Des

forces attractives par exemple peuvent être créées par la présence de mammifères attracteurs ou, de manière générale, par des conditions environnementales propices (en termes de végétation, humidité, température, etc.). L'action de ces forces va modifier le comportement des insectes.

Pour décrire cette dynamique, on définit, pour chaque point P de la région A, un vecteur courant volumique \vec{j} , défini à l'instant t dans une petite région de l'espace V (de volume |V|) autour du point P par :

$$\vec{j}(P, t) = \frac{1}{|V|} \sum_{i \in V} \vec{s}_i \quad (6.1)$$

où \vec{s}_i est le vecteur vitesse de l'insecte i, et la somme est calculée pour tous les insectes i dans V (Fig. 6.1).

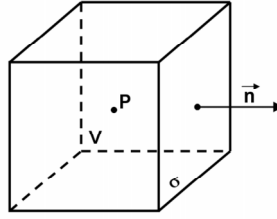


FIG. 6.1 – Représentation schématique du volume élémentaire V pour l'écriture des équations de conservation et de diffusion

En notant Q la quantité d'insectes dans V, on peut alors écrire l'**équation de conservation** pour la quantité d'insectes dans V, qui traduit le fait que la variation temporelle de Q dans V est égale au flux d'insectes à travers la frontière surfacique de V (notée σ) (c'est-à-dire au nombre d'insectes sortants retranché au nombre d'entrants), ajouté à la production algébrique d'insectes dans V (c'est-à-dire au nombre de morts retranché au nombre de naissances) :

$$\frac{dQ}{dt} = - \int_{\sigma} \vec{j}(P, t) \cdot \vec{n}(P) d\sigma + \int_V [\alpha(P, t) - \beta(P, t)] dP \quad (6.2)$$

où σ est la frontière surfacique de V,

\vec{n} est le vecteur normal à σ dirigé vers l'extérieur de V (Fig. 6.1),

$\alpha(P, t)$ correspond au nombre de naissances au point P et au temps t,

et $\beta(P, t)$ au nombre de morts.

En introduisant la quantité volumique d'insectes $\rho(P, t)$ qui satisfait

$$Q = \int_V \rho(P, t) dP \quad (6.3)$$

l'équation (6.2) devient :

$$\frac{\partial}{\partial t} \int_V \rho(P, t) dv + \int_{\sigma} \vec{j}(P, t) \cdot \vec{n}(P) d\sigma = \int_V [\alpha(P, t) - \beta(P, t)] dP \quad (6.4)$$

Enfin, en utilisant le théorème de la divergence pour la surface fermée σ , on obtient l'équation de conservation finale :

$$\frac{\partial \rho}{\partial t}(P, t) + \text{div} \left[\vec{j}(P, t) \right] = \alpha(P, t) - \beta(P, t), \text{ pour } P \in A \text{ et } t > 0. \quad (6.5)$$

Dans cette équation le symbole "div" représente la divergence du vecteur courant \vec{j} .

Il faut bien noter ici que ce passage à la limite, en faisant tendre le volume V vers 0, donne de manière classique l'équation de conservation (6.5), mais ne peut en réalité être effectué qu'en justifiant les échelles spatiale et temporelle pour lesquelles la description d'un processus de diffusion a un sens. En effet, à l'échelle du centimètre par exemple, les mouvements des insectes ne peuvent être décrits comme un phénomène de diffusion (il s'agit davantage d'un mouvement brownien) : il existe des conditions sur la taille minimale du volume élémentaire V , qui doit contenir suffisamment d'insectes, pour que l'équation (6.5) et ce qui va suivre, soient justifiés. Ceci sera discuté par la suite (§3).

2.3 Loi de Fick (ou Fourier)

Pour poursuivre, sous réserve toujours que le passage à la limite est correct, nous considérons que les paramètres physiques et biologiques qui déterminent le mouvement des insectes n'entraînent pas de mouvement de rotation, ou si c'est le cas (supposons par exemple que les insectes aient un instant un mouvement tourbillonnant sous l'action d'un vent), qu'il s'agit de situations exceptionnelles que l'on peut négliger.

Alors le champ de vecteurs \vec{j} est irrotationnel et peut s'écrire comme un champ de gradient :

$$\vec{j}(P, t) = -D(P, t) \cdot \overrightarrow{\text{grad}} \rho(P, t) \quad (6.6)$$

où ρ est une fonction scalaire, le potentiel dont dérive le champ \vec{j} ; ce potentiel est le nombre d'insectes par unité de volume ρ (cf. remarque ci-dessous). $D(P, t)$ est le tenseur de diffusion qui traduit la distortion du champ $\overrightarrow{\text{grad}} \rho$ causée par l'hétérogénéité du milieu et les différentes forces exercées sur les insectes, au point P et à l'instant t .

Remarque

Dans les systèmes mécaniques ou électriques, le potentiel $\rho(P, t)$ est une fonction abstraite qui exprime l'énergie totale nécessaire pour amener une particule de l'infini au point P , en considérant par convention que ρ prend la valeur zéro à l'infini. Ici, dans le cas de la diffusion des insectes, cette fonction potentiel peut être interprétée comme la probabilité de présence d'insectes au point P .

2.4 Équation de diffusion

Finalement, la combinaison des équations (6.5) et (6.6) donne l'équation de diffusion suivante :

$$\frac{\partial \rho}{\partial t}(P, t) - \operatorname{div} \left[D(P, t) \cdot \overrightarrow{\operatorname{grad}} \rho(P, t) \right] = \alpha(P, t) - \beta(P, t), \quad P \in A \text{ et } t > 0. \quad (6.7)$$

où $\alpha(P, t)$ et $\beta(P, t)$ sont respectivement le nombre de naissances (émergences) et de morts d'insectes par unité de temps et par volume (voir le tableau 6.1 pour les dimensions).

Pour compléter (6.7) les conditions initiales et les conditions aux limites de la région \mathbf{A} (on note Γ l'enveloppe surfacique de \mathbf{A}) doivent être définies.

Les conditions initiales peuvent provenir de mesures de terrain sur les densités d'insectes, permettant d'estimer

$$\rho(P, 0) = \rho_0(P), \text{ pour } P \in A \quad (6.8)$$

Les conditions aux limites peuvent être définies, selon les cas, avec

$$\rho(P, t) = 0, \text{ pour } P \in \Gamma \text{ et } t > 0. \quad (6.9)$$

(on considère qu'il n'y a pas d'insectes aux limites de la zone étudiée, durant la période d'étude);

ou bien des conditions aux limites particulières comme par exemple

$$D(P, t) \frac{\partial \rho}{\partial n}(P, t) = \rho(P, t), \text{ pour } P \in \Gamma \text{ et } t > 0. \quad (6.10)$$

où $\frac{\partial \rho}{\partial n}$ est la dérivée normale, de manière à exprimer que le flux sortant aux limites de la zone d'étude est égal à la densité.

Paramètre	Définition	Dimension
N	population totale d'insectes	$[I]$
L	unité de longueur	$[L]$
T	unité de temps	$[T]$
r	déplacement élémentaire moyen d'un individu	$[L]$
τ	durée d'un déplacement moyen	$[T]$
ρ	densité d'insectes	$[I][L]^{-3}$
D_0	constante de diffusion pure	$[L]^2[T]^{-1}$
α, β	Naissances (α) et morts (β) des insectes	$[I][L]^3[T]^{-1}$
n	nombre moyen de déplacements d'un insecte par unité de temps	$[T]^{-1}$

TAB. 6.1 – Modèle de diffusion : Définition de quelques paramètres utiles et de leur dimension physique

Sources et puits

Le terme source $\alpha(P, t)$ correspond aux naissances (émergences) d'insectes, par volume et unité de temps, au point P et au temps t . En fonction de la biologie des insectes considérés, ce terme peut être estimé à partir de paramètres environnementaux comme la température, les précipitations, la disponibilité de gîtes larvaires.

Le terme puits $\beta(P, t)$ correspond au nombre de morts, par volume et unité de temps, au point P et au temps t . Ce terme inclut la mortalité naturelle des insectes et la mortalité due par exemple à une pulvérisation d'insecticide. Ce terme dépend de la densité des vecteurs :

$$\beta(P, t) = m(P, t) \cdot \rho(P, t), \quad m \in [0; 1], \Omega \in A, t > 0 \quad (6.11)$$

Le taux de mortalité m dépend de conditions environnementales comme la température et l'humidité, et de l'efficacité des traitements insecticides. Il peut être estimé expérimentalement par des techniques de captures, marquages, lâchers et recaptures [McDonald, 1977] ou par la connaissance *a priori* de l'efficacité des traitements.

Remarque

Dans l'équation de diffusion (6.7), le tenseur de diffusion D contient l'ensemble de l'information sur le rôle des différents éléments déterminant les déplacements des insectes (conditions environnementales propices¹). Cette équation de diffusion de population est donnée dans les exemples de la littérature sous une forme simplifiée avec un coefficient de diffusivité constant [Sharov, 1996] [Murray, 2003]. En effet, l'expression de $D(P, t)$ dans l'équation (6.7) est générale mais difficile à interpréter par rapport aux paramètres environnementaux qui la déterminent. Dans la section 4 l'équation de diffusion (6.7) est reformulée pour obtenir une équation plus opérationnelle. Auparavant, nous discutons les échelles spatiale et temporelle pour lesquelles l'équation de diffusion des insectes est valide.

3 Validité de l'équation de diffusion

Pour établir les limites du domaine de validité des équations (6.7), il nous faut considérer les limites lorsque $|V|$ tend vers 0 et dt tend vers 0.

Ce problème est rencontré classiquement en mécanique et en électricité, où le domaine de validité est défini lorsque le volume V tend vers 0, à la condition qu'il reste plus grand qu'une certaine taille minimum pour contenir un nombre suffisant de particules, de manière à rester en dehors des processus microscopiques.

Pour le cas de la diffusion des insectes, il nous faut déterminer la taille minimale du volume V pour que le nombre d'insectes contenus dans V soit suffisant pour pouvoir considérer ρ comme une fonction continue et dérivable et décrire un processus de diffusion. Par exemple, comme cela a été évoqué précédemment, un volume de

¹L'effet du vent (effet advectif) se fait par l'ajout d'un terme $\vec{j} = \vec{v}\rho$, \vec{v} étant la vitesse du vent, comme cela sera détaillé par la suite (§ 4.1)

quelques cm^3 n'est pas adapté pour décrire un tel phénomène. Il s'agit donc de déterminer les limites spatiales et temporelles pour lesquelles les équations de diffusion pour les insectes ont un sens.

Nous discutons donc cette question du domaine de validité dans le cas de la diffusion des insectes, par analogie avec une étude de Chandrasekhar (1943), et montrons que l'échelle appropriée est celle de l'observation satellitale. Ensuite, l'ordre de grandeur des termes du tenseur de diffusion est évalué ; nous montrons qu'il correspond au critère de validité des équations de diffusion utilisé en mécanique des fluides.

3.1 Échelles spatiale et temporelle appropriées pour modéliser la diffusion des insectes

Pour simplifier la présentation, nous considérons l'équation de diffusion (6.7) dans le cas où il n'y a pas de rugosité particulière du paysage (D est une constante notée D_0) et nous supposons qu'au temps $t=0$, N insectes émergent au point $P = P_0$ de la surface.

Alors, pour $t>0$, l'équation (6.23) prend la forme simplifiée, qui ne modifiera pas la discussion pour le cas général :

$$\frac{\partial \rho}{\partial t}(P, t) - D_0 \left(\frac{\partial^2 \rho}{\partial x^2} + \frac{\partial^2 \rho}{\partial y^2} + \frac{\partial^2 \rho}{\partial z^2} \right) (P, t) = 0 \quad \text{pour } P \in A \text{ et } t > 0 \quad (6.12)$$

Dans sa forme classique, D_0 correspond à la diffusivité pure des insectes dans une atmosphère complètement statique. Sa dimension physique est spécifiée dans la table (6.1).

La solution de l'équation (6.12) dans un milieu infini à trois dimensions est :

$$\rho(P, t) = \frac{2N}{(4\pi D_0 t)^{3/2}} \exp(-|\delta P|^2 / 4D_0 t) \quad (6.13)$$

où $|\delta P|^2 = |P - P_0|_{\text{moy}}^2$ est la moyenne quadratique des déplacements.

Cette solution, qui est une fonction dérivable et régulière, n'a pas de sens à toutes les échelles. Pour déterminer les échelles adaptées, nous procédons par analogie avec l'analyse de Chandrasekhar (1943) qui démontre que le mouvement des étoiles peut être décrit par un processus de diffusion. Chandrasekhar démontre que l'équation de diffusion (6.12) et sa solution (6.13) sont valides si le nombre moyen de déplacements d'une étoile par unité de temps n ($n = 1/\tau$) est grand et que la longueur moyenne r d'un déplacement individuel est petite par rapport à l'unité de longueur L (voir le tableau 6.1 pour les notations). Plus précisément, l'équation (6.12) et sa solution (6.13) sont valides et le mouvement stellaire correspond à un phénomène de diffusion à condition que le rapport

$$\left(\frac{r}{L} \right)^2 \frac{1}{\tau} \quad (6.14)$$

reste fixe lorsque $r/L \rightarrow 0$ et $n \rightarrow \infty$ [Chandrasekhar, 1943] [Zauderer, 1989].

La figure (6.2) donne les valeurs du rapport (6.14) calculé avec des valeurs typiques de r et τ lorsque les échelles spatiale et temporelle utilisées pour le calcul de r/L et n varient.

Pour le cas de la diffusion des insectes, dans la figure (6.2) les valeurs de (6.14) sont calculées avec $r=0,3$ m et $\tau=1$ seconde, valeurs qui correspondent typiquement à des déplacements d'insectes volants (comme des mouches ou des moustiques²). Les échelles pour lesquelles le modèle de diffusion est acceptable sont en grisé sur la figure. Les échelles spatiales correspondant aux observations des satellites SPOT, TM et NOAA sont reportées. Les lignes diagonales indiquent les échelles pour lesquelles $n \rightarrow \infty$ et $r/L \rightarrow 0$, de manière à ce que (6.14) reste fixe.

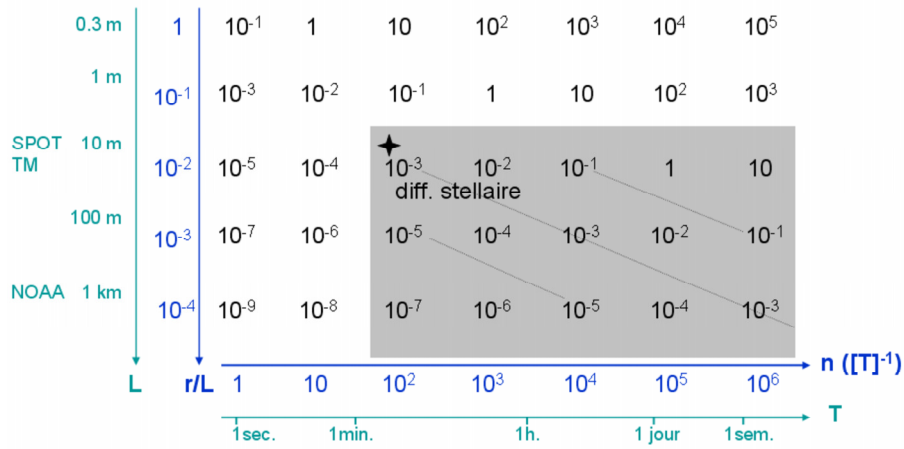


FIG. 6.2 – Valeurs du rapport $(r/L)^2(1/\tau)$ (6.14) en fonction des échelles spatiale (L) et temporelle (T), pour $r=0,3$ m et $\tau = 1$ sec. La valeur du rapport (6.14) pour le cas du processus de diffusion stellaire est indiquée comme référence.

La détermination des valeurs limites de r/L et n est effectuée par analogie avec cette étude qui conclut sur la validité du processus de diffusion pour les valeurs numériques observées $r/L \approx 2,6 \cdot 10^{-3}$ et $1/\tau \approx 3,3 \cdot 10^3$ déplacements d'étoiles par unité de temps ($T = 610^4$ ans). Dans notre cas, les régions de la figure correspondant au domaine de validité du processus de diffusion des insectes correspond à la zone où L est supérieur à 10 mètres pour $r \approx 0,3$ mètre et des échelles de temps supérieures à une demi-heure environ.

Ces échelles spatiales correspondent globalement à l'échelle d'observation des satellites moyenne résolution comme SPOT-4 (taille de pixel : 20x20 mètres) ou Landsat (30x30 mètres). Nous montrons donc qu'il est justifié d'utiliser ce type de données pour décrire la dynamique de populations d'insectes comme un processus de diffusion.

Le tableau (6.2) présente les différents capteurs actuels et les résolutions correspondantes. Les résolutions spatiales des capteurs comme SPOT-4 et Landsat conviennent pour la description des processus de diffusion des insectes ; des réso-

²Pour le cas des moustiques *Aedes* par exemple, Clements (1963) caractérise le vol en laboratoire par les valeurs $r=17$ cm et $\tau=1$ seconde.

Plate-forme satellite (capteur)	Domaine spectral*	Taille de pixel
METEOSAT 1-7	VIS-PIR MIR-IRT	2,5 km 5 km
NOAA 6-16 (AVHRR)	VIS-PIR MIR-IRT	1,1 km
Landsat 4 et 5 (TM)	VIS-PIR IRT	30 m 120 m
Landsat7 (ETM)	VIS-PIR IRT PAN	30 m 120 m 15 m
SPOT 1-3 (HRV)	VIS-PIR PAN [†]	20 m 10 m
SPOT 4 (HRVIR)	VIS-PIR-MIR PAN	20 m 10 m
SPOT 5 (HRG)	VIS-PIR-MIR PAN	10 m 5 m
IKONOS	VIS-PIR PAN	4 m 1 m
Quickbird	VIS-PIR PAN	2,44 m 0,61 m

*VIS : visible ; PIR : proche infrarouge ; MIR : moyen infrarouge ; IRT : infrarouge thermique

[†]PAN : mode Panchromatique

TAB. 6.2 – Quelques caractéristiques des capteurs les plus couramment utilisés (domaines optique et thermique)

lutions métriques (IKONOS, QUICKBIRD) ne sont plus adaptées. Les résolutions kilométriques (satellites NOAA) sont à écarter, pour d'autres raisons : une taille de pixel d'1 km² est trop grande pour pouvoir interpréter le tenseur de diffusion D.

Cette définition du domaine de validité de l'équation de diffusion lorsqu'on l'applique à la diffusion des insectes, qui n'est pas discutée dans les exemples de la littérature, est cruciale pour la suite.

3.2 Ordre de grandeur du coefficient de diffusivité

Pour un processus de diffusion tridimensionnel de particules dont les mouvements sont caractérisés par la longueur moyenne d'un déplacement élémentaire (notée r) et le nombre moyen de déplacements (rebonds) par unité de temps (noté n) on peut classiquement estimer la valeur de D_0 par l'expression (voir par exemple [Chandrasekhar, 1943]) :

$$D_0 = n \cdot r^2 / 6 \quad (6.15)$$

où n et r (tableau 6.1) peuvent être déduits de l'expérience. Par exemple, si l'on considère que sans aucune force appliquée, le nombre moyen de déplacements d'un moustique par unité de temps est $1/\tau = 1/(1 \text{ sec.}) = 86\,400 \text{ jour}^{-1}$, et $r \approx 0,2 \text{ m}$, on

obtient l'ordre de grandeur pour D_0 :

$$D_0 \approx 576 \text{ m}^2 \cdot \text{jour}^{-1} \quad (6.16)$$

Passage en 2 dimensions

Si nous suivons les conclusions précédentes sur le domaine de validité de l'équation de diffusion, et adoptons les échelles spatiales des satellites, la manière naturelle consiste à considérer la diffusion des insectes comme un processus surfacique. En effet, en observant que les insectes volent dans les couches basses de l'atmosphère, d'une épaisseur moyenne de 30 mètres, la plus petite taille pour le volume V est un parallélépipède limité par le pixel d'une image (noté Ω) et la hauteur de cette couche d'atmosphère. Nous projetons la densité volumique $\rho(P, t)$ sur la surface, à présent donnée en $I/|\Omega|$ (insectes par pixel). Ceci implique que toutes les forces sont à présent considérées comme des forces surfaciques et que la valeur numérique de la diffusivité doit être modifiée [Diu *et al.*, 1989] :

$$D_0 = n \cdot r^2/4 \quad (6.17)$$

L'ordre de grandeur pour D_0 devient alors, avec les mêmes valeurs de τ et r :

$$D_0 \approx 864 \text{ m}^2 \cdot \text{jour}^{-1} \quad (6.18)$$

Dans l'équation de diffusion (6.23) le tenseur tridimensionnel D devient un tenseur 2×2 défini sur la région A de limite Γ , considérée à présent comme une région bidimensionnelle (il s'agit d'une opération de projection purement géométrique).

Critère de validité basé sur le nombre de Knudsen

En mécanique des fluides la validité des équations de diffusion pour un gaz est évaluée sur la base du nombre de Knudsen $Kn = D/(a \cdot l)$ où D est le coefficient de diffusion, a la vitesse microscopique (vitesse moyenne quadratique du gaz) et l l'échelle macroscopique.

Pour les valeurs de D_0 calculées précédemment (Eq. 6.16 et 6.18), avec $a=0,2\text{m/s}$ et $l=20\text{m}$, on obtient $Kn \approx 10^{-3}$: le critère d'application est donc vérifié car Kn est très inférieur à 1.

Remarque

La valeur de D_0 ainsi calculée, de l'ordre de 900 m^2 par jour, correspond à une valeur de diffusivité "pure", c'est-à-dire en excluant tout phénomène d'attraction, de transport, de rugosité, dans une sorte de "vide des moustiques". En réalité, tous ces facteurs interviennent, et ont en général pour effet de réduire la valeur de la diffusivité. Par exemple, pour peu que les moustiques (femelles) trouvent dans un environnement des personnes à piquer pour leur repas sanguin et des gîtes de ponte, elles se fixeront dans ce lieu et dans ce cas "diffuseront" peu (on estime en général qu'une femelle *Aedes aegypti* parcourt rarement plus de quelques centaines de mètres).

4 Retour à l'équation de diffusion des insectes

A présent que les échelles spatiales et temporelles, pour lesquelles la diffusion des insectes a un sens, ont été définies, nous revenons à l'équation de diffusion des insectes (6.7).

Comme cela a été évoqué précédemment, la dynamique des insectes est déterminée d'une part par des termes de sources et de puits qu'il faut caractériser, et d'autre part par des forces attractives et répulsives ainsi que l'hétérogénéité du milieu qui constituent des paramètres de forçage appliqués sur le flux des insectes. La principale difficulté pour utiliser l'équation de diffusion (6.7) de manière opérationnelle est liée à l'estimation du paramètre $D(P, t)$ qui contient de manière inconnue, la combinaison de tous ces paramètres de forçage.

Parmi les paramètres environnementaux susceptibles d'orienter le flux des insectes, certains peuvent être génériques, comme l'effet du vent par exemple, d'autres sont spécifiques au type d'insectes considéré : le modèle de diffusion des insectes proposé ici devra être adapté au cas par cas. Cependant, de manière générale trois types d'actions classiques qui s'exercent sur le flux d'insectes peuvent être distinguées : le phénomène de transport³, l'action de forces attractives et répulsives, et les forces de frottements dues à la rugosité du paysage.

4.1 Phénomène de transport (advection)

Le vent a un effet mécanique sur les insectes, qui résulte en un effet de transport. Afin de préciser cet effet, on considère à nouveau un petit volume V autour d'un point P , où la densité d'insectes au temps t est notée $\rho(P, t)$ (Fig. 6.1).

Les remarques suivantes permettent d'explicitier quel sera l'effet d'un vent de vitesse notée $\vec{W}(P, t)$ sur l'augmentation du flux d'insectes \vec{j} à travers la limite surfacique σ de V (comme précédemment l'augmentation est positive si le flux est dirigé vers l'extérieur du volume V).

Le flux d'insectes dû au vent à travers une surface est $\vec{W}(P, t) \cdot \vec{n} \cdot \rho(P, t)$, avec \vec{n} le vecteur normal à la surface orienté vers l'extérieur.

Or, si les stations météorologiques donnent en général un champ de vent global $\vec{W}(t)$ pour toute la région A , le vecteur local $\vec{W}(P, t)$ au point P est soumis à une déformation locale due à la rugosité du paysage (présence de forêts, de bâtiments, etc.). Le flux d'insectes dû au vent peut donc s'écrire

$$D_W(P, t) \cdot \vec{W}(P, t) \cdot \vec{n} \cdot \rho(P, t) \quad (6.19)$$

où $D_W(P, t)$, le tenseur de vent, a une action locale sur le champ de vent global \vec{W} due à la rugosité de la surface sur le flux de vent (le détail du calcul des tenseurs est donné dans le chapitre 7).

En faisant le bilan des flux, l'effet du vent modifiera donc l'équilibre du flux d'insectes à travers σ par le terme :

$$-div \left[D_W(P, t) \cdot \vec{W}(P, t) \cdot \rho(P, t) \right] \quad (6.20)$$

³Nous employons ici le terme "transport" pour l'advection horizontale, c'est-à-dire le transport horizontal par le vent.

4.2 Forces attractives et répulsives

Les forces attractives peuvent être dues, pour des insectes hématophages⁴ à la présence des mammifères sur lesquels sont pris les repas sanguins, éventuellement à la présence de certaines espèces végétales, ou à des gradients propices de température ou d'humidité. Les forces répulsives, qui agissent de manière opposée sur le flux d'insectes, peuvent être dues à une pulvérisation d'insecticides, ou bien à des gammes défavorables de température ou humidité.

Ces forces modifient le bilan du flux à travers la surface fermée σ contenant P . Par exemple, en supposant que la présence humaine (notée $H(P,t)$) crée une force attractive sur les insectes considérés, la distribution des hommes orientera le flux des insectes vers la direction $-\overrightarrow{\text{grad}} H$. La variation du flux due à la présence humaine sera alors proportionnelle à $\rho(P,t)$ et à $-\overrightarrow{\text{grad}} H$. Ainsi, le rôle du champ attracteur créé par la distribution H modifiera l'équilibre du flux à travers σ par le terme :

$$-div \left[K_H \cdot \rho(P,t) \cdot \overrightarrow{\text{grad}} H(P,t) \right] \quad (6.21)$$

où K_H , en première approximation, est une constante positive. En réalité, comme pour le vent, K_H est un tenseur qui en fonction du paysage, module l'orientation du flux d'insectes.

Remarque

Comme tous les courants sont par convention positifs lorsqu'ils sont orientés vers l'extérieur de σ , nous avons à nouveau un signe négatif. Pour un champ répulsif, le signe sera positif.

4.3 Rugosité du paysage

Les deux types de forces précédents correspondent à des processus physiques dynamiques. La rugosité du paysage (ou rugosité de la surface) est un autre type de paramètre qui influence le flux d'insectes : il s'agit du rôle joué par la texture du paysage sur le comportement des insectes.

En effet, la différence de rugosité entre deux types très différents d'occupation du sol, comme par exemple une forêt et une route, peut ralentir ou orienter les flux d'insectes. Ainsi le moustique *Aedes aegypti* vecteur de la dengue évite de traverser les routes (ou les surfaces de sol nu en général) et se déplace davantage à proximité d'un couvert végétal : le paysage présente une rugosité qui a un effet sur le comportement des insectes, indépendamment de l'effet du vent ou de forces attractives.

On peut considérer qu'il s'agit d'un effet de frottement exercé sur les insectes considérés comme particules, et que cette force modifie le flux \vec{j} de la même manière que le tenseur de diffusion pour un processus de diffusion de la chaleur dans un milieu hétérogène. Ainsi, la contribution de cet effet sur le bilan du flux d'insectes à travers la surface σ est :

$$div \left[D_R \cdot \overrightarrow{\text{grad}} \rho(P,t) \right] \quad (6.22)$$

⁴se dit des insectes qui se nourrissent de sang.

où D_R est un tenseur défini par l'effet direct de la surface sur la dynamique des insectes, tout effet de vent exclu.

4.4 Nouvelle équation de diffusion

Ayant calculé les rôles séparés des forces de transport, d'attraction ou répulsion et de frottement sur le flux d'insectes, l'équation de diffusion (6.7) peut être réécrite :

$$\left. \begin{aligned} \frac{\partial \rho}{\partial t}(P, t) - \operatorname{div} \left[D_R(P, t) \cdot \overrightarrow{\operatorname{grad}} \rho(P, t) \right] + \operatorname{div} \left[D_W(P, t) \cdot \overrightarrow{W}(P, t) \cdot \rho(P, t) \right] \\ + \operatorname{div} \left[K_H \cdot \rho(P, t) \cdot \overrightarrow{\operatorname{grad}} H(P, t) \right] = \alpha(P, t) - \beta(P, t) \end{aligned} \right\} \text{ pour } P \in A \text{ et } t > 0 \quad (6.23)$$

Les conditions initiales et les conditions aux limites sont les mêmes que celles données par les équations (6.8) et (6.9) (ou (6.10)).

Malgré sa relative complexité, par rapport à l'équation (6.7), cette équation tient compte à présent de manière séparée de tous les processus de forçage.

Elle fait intervenir pour décrire l'évolution de la densité d'insectes $\frac{\partial \rho}{\partial t}$ trois termes supplémentaires qui représentent respectivement l'effet de la rugosité du paysage ($-\operatorname{div} [D_R \cdot \overrightarrow{\operatorname{grad}} \rho]$), le phénomène de transport ($+\operatorname{div} [D_W(P, t) \cdot \overrightarrow{W}(P, t) \cdot \rho(P, t)]$), et l'effet des forces d'attraction ($+\operatorname{div} [K_H \cdot \rho \cdot \overrightarrow{\operatorname{grad}} H]$).

5 Conclusion

Dans ce chapitre un modèle pour la diffusion des insectes basé sur l'échantillonnage spatial des données de télédétection est proposé. Son avantage par rapport à des modèles classiques de diffusion est que les différents effets de forçage (transport, attraction/répulsion, rugosité du paysage) sont séparés, et peuvent ainsi être adaptés aux mesures d'entrée. Les échelles spatiale et temporelle pour lesquelles un tel modèle de diffusion est valide ont été précisées; les échelles spatiales des satellites actuels d'observation de la terre sont adaptées à de telles études. En effet, on trouve que la résolution spatiale des satellites usuels comme SPOT-4 et Landsat convient pour la description de processus de diffusion.

Le modèle proposé, qui permet de décrire la dynamique des densités d'insectes, est semi-linéaire et contient plusieurs tenseurs 2x2 adaptés au paysage. Une méthode pour calculer ces tenseurs à partir de données de télédétection sera donnée dans le chapitre suivant.

Dans le chapitre 8, ce modèle de diffusion est adapté au cas du vecteur de la dengue, *Aedes aegypti*, et relié à un modèle "en compartiments" afin d'établir un modèle pour la dynamique de la dengue. La méthode numérique pour la résolution de l'ensemble des équations, sera donnée dans le chapitre 9.

Chapitre 7

Méthodes pour l'estimation des paramètres du modèle de diffusion des insectes

Dans ce chapitre, nous détaillons le calcul des tenseurs ainsi que des forces d'attraction qui sont au coeur du modèle de diffusion des insectes présenté dans le chapitre précédent. Les données requises sont présentées (section 1). Les tenseurs de rugosité (D_R) et de vent (D_W) sont obtenus à partir du traitement de données de télédétection (section 3). Dans la section 4 nous détaillons le calcul des forces d'attraction qui sont caractérisées par un coefficient d'attraction K_H et un champ d'attraction H .

1 Introduction

Dans le modèle proposé au chapitre 6, la dynamique des insectes est décrite par une équation de diffusion qui prend en compte les paramètres environnementaux, en particulier l'effet de la rugosité du paysage sur le flux des insectes et du vent. Cette approche ouvre la possibilité d'une description de la diffusion des insectes plus réaliste que les modèles de diffusion avec un coefficient de diffusion constant. Il nous faut cependant pouvoir estimer les paramètres du modèle à partir des données disponibles sur l'environnement.

Dans ce chapitre, nous proposons donc des méthodes pour l'estimation des tenseurs de rugosité et de vent, ainsi que pour la caractérisation des forces d'attraction. Les méthodes sont proposées pour le cas général de la diffusion des insectes et seront appliquées pour le cas de la diffusion des moustiques vecteurs de la dengue dans la partie 4 (chapitres 10 et 11).

Remarque Nous ne détaillerons pas ici le calcul des termes sources (α) et puits (β) qui a déjà été présenté pour le cas général dans le chapitre 6 (§2.4) et qui sera détaillé pour le cas particulier de la dengue dans le chapitre 10.

2 Les données

La zone d'intérêt pour la simulation de la dynamique des insectes contient typiquement une ville et ses environs, un village, ou tout un paysage avec fermes, forêts, prairies. Pour décrire une telle zone, les données de télédétection à moyenne ou haute résolution spatiale sont adaptées. En effet, les paramètres qui influent sur la distribution et le mouvement des populations d'insectes sont essentiellement liés à des facteurs climatiques ou à l'occupation du sol (type de végétation, présence de mammifères) et peuvent être obtenus soit par des stations météorologiques, soit à partir de données de télédétection. Enfin, selon le cas, des mesures de terrain peuvent être nécessaires pour préciser certains paramètres entomologiques par exemple.

Remarque Pour le calcul de certains paramètres, des données à haute résolution spatiale peuvent être nécessaires (par exemple pour la caractérisation du milieu urbain). Cependant pour que l'équation (6.23) ait un sens, d'après les conclusions du chapitre précédent, tous ces paramètres seront ensuite ré-échantillonnés à 20 mètres.

2.1 Données de télédétection

Les données de télédétection sont actuellement disponibles dans la plupart des régions du monde et des méthodes ont été mises au point pour lier la mesure du rayonnement électromagnétique effectuée par le capteur dans différentes longueurs d'onde, à des paramètres tels que la température de surface, l'humidité du sol, la couverture végétale, le relief, la structure des villes et la densité des populations humaines. Nous donnons quelques exemples complémentaires à ceux du chapitre 1.

La température de surface de la terre ou de la mer peut être estimée à partir des canaux dans l'infrarouge thermique des satellites Landsat-TM, NOAA-AVHRR ou METEOSAT [Rees, 1999], avec une précision absolue variable selon les régions de 1 à 5 degrés Celsius mais une bonne précision relative (les variations de température de la mer peuvent être suivies avec une précision d'un degré Celsius).

L'humidité du sol peut être estimée de manière relative à partir de données radar [Wan *et al.*, 2002] qui ont l'avantage d'être moins sensibles à la couverture nuageuse que les capteurs optiques et thermiques. Des indices d'humidité peuvent être également obtenus à partir de données dans le visible et le proche infrarouge [Hatanaka *et al.*, 1995][Weidong *et al.*, 2003] ou dans le domaine des micro-ondes [Burke et Simmonds, 2003]. Des estimations pour l'évapotranspiration du sol sont également disponibles [Boegh *et al.*, 2002][Liu *et al.*, 2003].

Indices de végétation Ces indices sont calculés à partir des canaux rouge et proche infrarouge des capteurs multispectraux [Raffy *et al.*, 2003] [Raffy et Soudani, 2004]. Le NDVI¹ est un indice de végétation basé sur les différences de réflectances dans le proche infrarouge et le rouge, qui est sensible à l'activité chlorophyllienne. D'autres

¹Normalized Difference Vegetation Index (cf chapitre 1)

indices de végétation existent pour caractériser la couverture végétale et peuvent être reliés par exemple à l'indice foliaire (LAI²) qui estime l'épaisseur du couvert végétal. Nous verrons que de tels indices pourront être utilisés pour le calcul du tenseur de diffusivité (§3).

La densité de population humaine peut être estimée à partir de classification de données multispectrales comme Landsat TM à 30 mètres de résolution [Harvey, 2002] ou avec des résolutions métriques par avion [Adeniyi, 1983].

2.2 Données météorologiques

Les paramètres généralement mesurés par les stations météorologiques sont la température de l'air, l'humidité relative, la pluviométrie, la vitesse du vent (ce dernier paramètre peut jusqu'à présent être mesuré par télédétection uniquement sur la mer [Murtugudde *et al.*, 2004]).

Ces mesures sont spatialement très localisées mais une cartographie de ces mesures peut être obtenue par des techniques d'interpolation comme par exemple le krigeage [Krige, 1966].

2.3 Données de terrain

Selon le cas (type d'insectes étudié, localisation, données disponibles par ailleurs), des relevés de terrain peuvent être nécessaires : ils doivent être définis et adaptés en fonction de l'étude. Par exemple, des mesures de terrain sur la distribution des gîtes larvaires d'*Aedes aegypti* peuvent être effectuées pour obtenir un indicateur de l'abondance des vecteurs.

3 Calcul des tenseurs (D_R et D_W)

Une attention particulière doit être portée sur le calcul des tenseurs 2x2 (D_R et D_W) qui traduisent l'effet de la rugosité du paysage sur un flux, qui, dans le cas de D_R est un flux d'insectes, et dans le cas de D_W le vent \vec{W} . Nous présentons donc ici une méthode commune pour l'estimation des deux tenseurs.

Les coefficients de ces tenseurs sont estimés à partir de cartes d'occupation du sol qui peuvent être générées à partir de la classification d'une image satellitale (section 3.1). A partir de ces cartes nous envisageons deux cas : celui d'une zone de paysage naturel (section 3.2) et celui d'une zone de paysage anthropique avec des bâtiments (section 3.3).

3.1 Classification d'une image multispectrale

Principe

La classification d'une image de télédétection est un traitement qui exploite l'information contenue dans l'image afin de cartographier différents types de paysages.

²Leaf Area Index

Il s'agit d'un processus basé sur des caractéristiques de l'image comme la valeur radiométrique du pixel ; deux pixels qui se ressemblent selon cette caractéristique prise comme critère seront attribués à la même classe.

Ainsi, en raison du lien existant entre les caractéristiques physiques d'un objet et ses propriétés spectrales, l'information spectrale fournie par les capteurs multispectraux permet de différencier les objets ayant des réponses spectrales différentes.

Dans le cas d'une classification supervisée³, le nombre et le type de classes, ainsi que le critère de classification, dépendent du phénomène que l'utilisateur souhaite caractériser. Le choix des classes doit donc être basé sur les connaissances que l'on a sur le comportement des insectes en fonction du type de paysage.

Définition des classes

Par exemple, dans le cas qui nous intéresse ici, celui de la dengue, à défaut d'informations très précises sur "l'effet" des différents types d'occupation du sol sur le comportement du moustique *Aedes aegypti*, le choix des classes peut être basé sur les constatations simples suivantes.

La connaissance que l'on a *a priori* est que le vol des *Aedes* est relativement court, et donc limité pour de longues distances sans abri (un abri pouvant être la présence de végétation haute, ou une habitation). Ainsi, les moustiques ne traversent pas les routes, ni les fleuves, tandis qu'ils entrent facilement dans les habitations et se déplacent aisément sous couvert végétal. C'est pourquoi, finalement, relativement peu de classes paraissent importantes : la végétation (végétation haute et basse), le sol nu (ou bitume), les bâtiments, et l'eau.

Exemple de classification

Nous donnons un exemple d'une telle classification sur la région de Cayenne (Fig. 7.1), obtenue à partir des quatre canaux d'une image SPOT-XS (canaux vert, rouge, proche et moyen-infrarouge). L'image a été préalablement corrigée géométriquement par rapport à des cartes topographiques de référence. Des zones d'apprentissage sont définies par l'utilisateur ; à partir de leurs caractéristiques, l'image est classifiée selon l'algorithme de classification supervisée par maximum de vraisemblance. L'estimation de la qualité du résultat est conduite par photo-interprétation et la connaissance du terrain.

Une telle classification permet en particulier de discriminer les zones de paysages naturels des zones urbanisées.

3.2 Calcul des tenseurs sur les zones de paysages naturels

Dans le cas où le processus de diffusion a lieu dans un paysage naturel, avec par exemple différents types de végétation, la méthode pour le calcul des tenseurs consiste à lier directement les valeurs des coefficients des tenseurs aux valeurs de l'indice foliaire (LAI) qui estime l'épaisseur du couvert végétal.

³c'est-à-dire pour laquelle l'utilisateur définit préalablement les classes (cf. Chapitre 1).

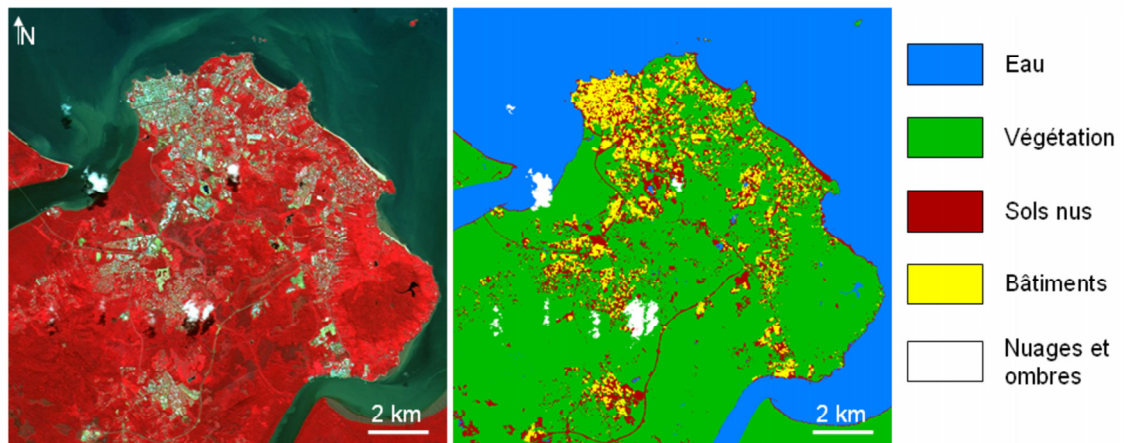


FIG. 7.1 – Scène SPOT de la région de Cayenne et exemple de classification (image SPOT-5 / Programme ISIS, copyright : CNES (2003), distribution Spotimage).

En effet on peut considérer que dans une telle zone, l'effet de la rugosité sur le flux des insectes et le flux de vent est directement lié à la densité du couvert végétal (qui a pour effet de diminuer ces flux). Cette densité de végétation peut être mesurée par l'indice de densité foliaire (LAI) défini comme la surface totale des feuilles projetée par unité de surface, qui peut être calculé à partir de données de télédétection. Le LAI prend des valeurs comprises entre 0 et 12 [Warren-Wilson, 1963] [Hapke, 1993] [Dufrêne et Bréda, 1995].

Estimation du LAI

Cet indice peut être obtenu par télédétection, à partir des valeurs de luminances dans le visible et le proche infrarouge mesurées par des capteurs multispectraux. Ici nous utilisons une méthode adaptée à un milieu hétérogène, avec des surfaces de forêt et de sol nu, qui permet de relier le LAI aux luminances rouge et proche infrarouge [Raffy et Soudani, 2004]. Cette méthode est basée sur l'interprétation de l'histogramme bidimensionnel des canaux rouge et proche infrarouge.

Interprétation de l'histogramme bi-dimensionnel Dans un graphique bidimensionnel (R, PIR), chaque pixel Ω de l'image est représenté par un point, dépendant des valeurs de luminances mesurées dans le visible ($L^{(VIS)}(\Omega)$) et le proche infrarouge ($L^{(PIR)}(\Omega)$).

L'ensemble de l'image forme donc un nuage de points : la figure (7.3) donne un exemple d'un tel histogramme pour une image SPOT-4 de la région d'Iracoubo (figure 7.2). Dans une telle zone, qui présente des paysages naturels (végétation, sols nus, eau) et anthropiques (le village d'Iracoubo), le nuage de points est difficilement interprétable car les pixels de la zone urbanisée (bitume, toits de tôle) ne présentent pas de signature (VIS, PIR) particulière.

En revanche, lorsqu'on se place dans une zone de paysages uniquement naturels (végétation, sol nus, eau), les regroupements de l'histogramme sont plus facilement

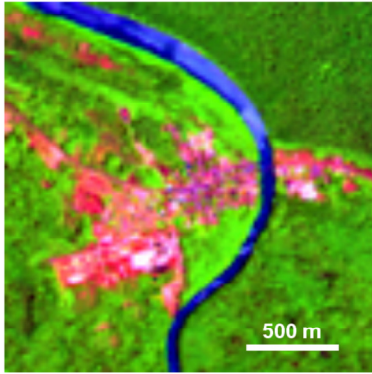


FIG. 7.2 – Extrait d'une image SPOT-XS. Iracoubo, Guyane, 18/10/2001. Données SPOT / Programme ISIS, ©CNES (2001), distribution Spot Image.

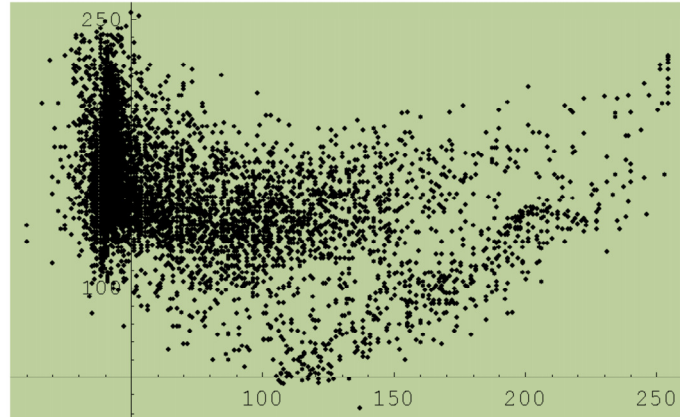


FIG. 7.3 – Domaine radiométrique total des luminances (VIS, PIR) de l'image en visible (en abscisse) et proche infrarouge (en ordonnée). Les valeurs de luminances sont normalisées entre des valeurs comprises entre 0 et 255. (Iracoubo 2001)

interprétables (figure 7.4).

Il est alors possible de caractériser les positions de la végétation (pixels pour lesquels les luminances R et PIR sont très différentes) et de la "droite des sols" (pixels pour lesquels les valeurs de luminances R et PIR sont proches et reliées de manière linéaire).

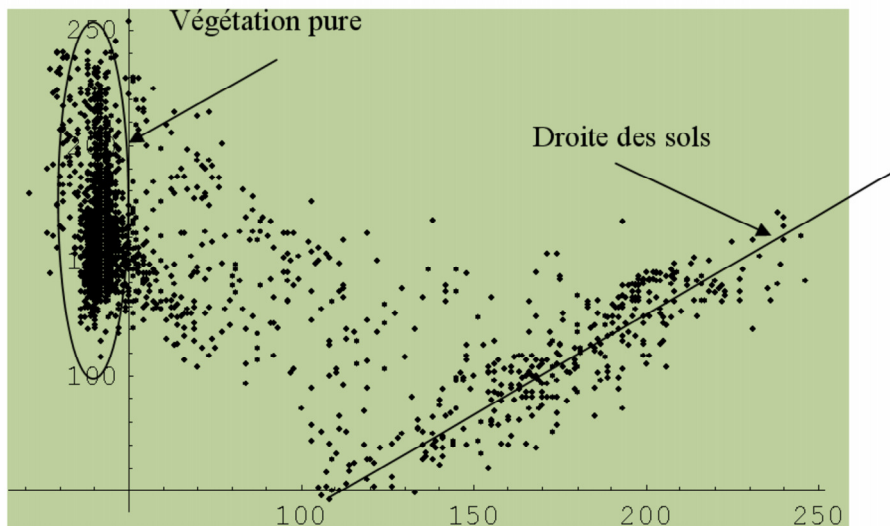


FIG. 7.4 – Domaine radiométrique des luminances (VIS, PIR) des parties "végétation, sols nus et eau" de l'image 7.2 (tiers supérieur de l'image). La droite des sols $L^{PIR} = 0,69 \cdot L^{VIS} - 0,26$ et le domaine de la forêt sont indiqués. Le centre de gravité $L_{veg} = (L_{veg}^{VIS}, L_{veg}^{PIR}) = (45, 153)$. Les valeurs de luminances sont normalisées entre des valeurs comprises entre 0 et 255.

On peut ainsi calculer d'une part le centre de gravité $\vec{L}_{veg} = (L_{veg}^{VIS}, L_{veg}^{PIR})$ de la partie végétation et d'autre part l'équation de la droite des sols par la méthode des moindres carrés. Cette équation s'écrit sous la forme $L^{(PIR)} = a \cdot L^{(VIS)} + b$.

Formule pour le LAI La valeur de l'indice foliaire est alors donné en fonction du centre de gravité de la partie végétation \vec{L}_{veg} et par les coefficients de la droite des sols (a et b), par la relation :

$$LAI(\Omega) = \lambda \cdot \frac{|L^{(PIR)}(\Omega) - a \cdot L^{(VIS)}(\Omega) - b|}{|L_{veg}^{(PIR)} - a \cdot L_{veg}^{(VIS)} - b|} \quad (7.1)$$

où λ est une valeur de LAI moyenne que l'on peut mesurer *in situ* à partir de photos hémisphériques ou par des prélèvements de litière. Cette valeur est généralement comprise entre 0 et 12 ; à défaut de données de terrain, nous prendrons donc ici pour λ la valeur 6.

Les figures 7.5 et 7.6 représentent les valeurs du LAI calculées pour chaque pixel, pour le cas d'un extrait sur une zone de paysages naturel (figure 7.5) et toute la région d'Iracoubo (figure 7.6).

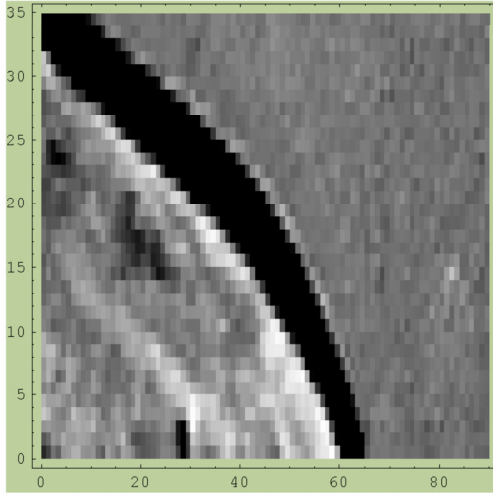


FIG. 7.5 – Représentation bi-dimensionnelle du LAI calculé d'après (7.1) sur un extrait de l'image (90x35 pixels) de la figure 7.2. Les pixels sombres correspondent à des valeurs de LAI faibles et les pixels clairs à des valeurs élevées.

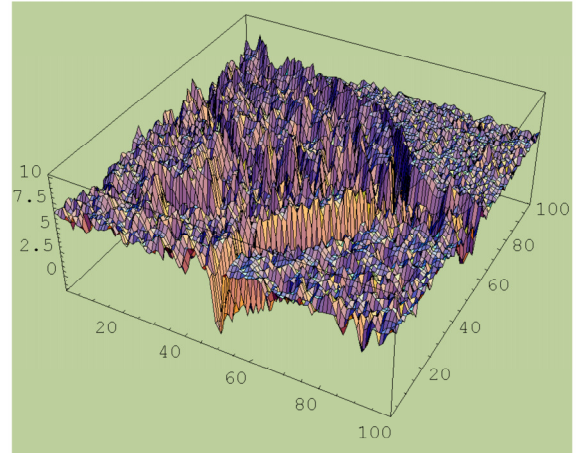


FIG. 7.6 – Représentation tri-dimensionnelle du LAI calculé sur toute l'image d'après (7.1). Ici le LAI varie entre 0 pour l'eau et 10 pour les zones de forêt dense.

Calcul des tenseurs

En milieu naturel, on considère que la rugosité du paysage (densité de la végétation) n'a pas d'effet directionnel sur les flux. Aussi, les coefficients des tenseurs sont des tenseurs diagonaux dont la valeur dépend directement du LAI.

Tenseur de vent D_W L'augmentation du LAI, qui traduit celle de la densité de végétation, a pour effet de diminuer l'intensité du vent. Le tenseur de vent peut donc s'écrire, pour chaque pixel Ω de l'image, sous la forme :

$$D_W(\Omega) = k_W(LAI(\Omega)) \cdot Id \quad (7.2)$$

où Id est la matrice identité 2x2 : $\begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix}$ et où le coefficient $k_W(LAI(\Omega))$ dépend de la valeur du LAI calculé d'après (7.1).

La figure 7.7 donne un exemple de relation réaliste entre k_W et le LAI.

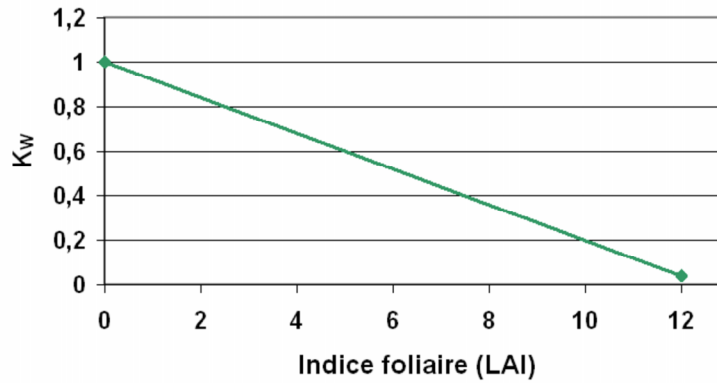


FIG. 7.7 – Relation entre le coefficient k_W du tenseur de vent et l'indice foliaire (LAI).

Tenseur de rugosité D_R De la même manière, le tenseur de rugosité peut s'écrire, pour chaque pixel Ω de l'image :

$$D_R(\Omega) = k_R(LAI(\Omega)) \cdot D_0 \cdot Id \quad (7.3)$$

Comme pour k_W , sur les zones de végétation la variation du LAI a *a priori* pour effet de diminuer le flux des insectes : k_R décroît lorsque le LAI augmente, avec comme valeur à l'origine la valeur maximale 1, ce qui correspond alors au cas de la diffusivité pure définie par le coefficient D_0 (calculée d'après l'expression (6.16) du chapitre 6).

Cependant, des connaissances supplémentaires plus précises concernant l'effet des différentes densités de végétation sur le flux des insectes seraient nécessaires pour estimer une relation pour k_R et les valeurs du LAI. En effet, des valeurs de LAI très faibles (sols nus) peuvent avoir pour effet de ralentir les insectes préférant rester sous couvert végétal.

Remarque : Pour le cas de la dengue, D_0 , la constante de diffusion pure définie au chapitre 6 est de l'ordre de $900 \text{ m}^2/\text{jour}$, ce qui correspond à des caractéristiques de déplacement élémentaire $\tau=1 \text{ sec.}$ et $r=20 \text{ cm.}$

3.3 Calcul des tenseurs sur les zones de paysages urbains

Pour le cas où le processus de diffusion a lieu dans un milieu urbain, le calcul des coefficients des tenseurs à partir du calcul du LAI ne s'applique pas pour tous les types d'occupation du sol. D'autre part, il faut tenir compte des effets de frontières entre les classes qui peuvent avoir un effet directionnel sur les flux.

Calcul des tenseurs

A partir de la classification précédente (§3.1 : le paysage est segmenté en différentes classes, notées de manière générale \mathbf{C}), les tenseurs D_R et D_W sont définis pour un pixel Ω appartenant à la classe \mathbf{C} par :

$$D_W(\Omega) = k_W(\Omega) \cdot Id \quad (7.4)$$

et

$$D_R(\Omega) = k_R(\Omega) \cdot D_0 \cdot Id \quad (7.5)$$

Il s'agit d'une généralisation des relations (7.2) et (7.3) précédentes :

Pour un pixel Ω dans une classe de paysage naturel (végétation), les coefficients $k_W(\Omega)$ et $k_R(\Omega)$ sont les coefficients $k_W(LAI(\Omega))$ et $k_R(LAI(\Omega))$ liés au LAI définis précédemment par (7.2) et (7.3).

Pour un pixel Ω dans une classe de zone urbaine (habitations, sols nus, bitume) k_W et k_R sont des constantes.

Tenseur de vent Pour les classes habitations ou bâti, k_W prend une valeur faible : en effet, à l'intérieur des bâtiments le vent aura peu d'effet sur les insectes.

Pour les classes de sols nus, k_W prend la valeur maximale 1.

Tenseur de rugosité Ici la définition des coefficients du tenseur de rugosité dépend des connaissances que l'on a sur l'effet des différents types d'occupation du sol.

Par exemple, pour le cas de la dengue, en considérant que les moustiques *Aedes* sont des moustiques endophiles et qu'ils ne traversent pas les routes, pour les classes habitations k_R prendra la valeur maximale 1 tandis que pour les classes de sols nus k_R prendra une valeur faible.

Valeurs des tenseurs aux frontières entre les classes.

Dans le paragraphe précédent, les coefficients des tenseurs ont été calculés pour les pixels à l'intérieur d'une classe. Nous présentons ici la méthode pour le calcul des tenseurs à la frontière entre deux classes.

A la frontière ∂C de \mathbf{C} , le flux peut être dévié. C'est le cas par exemple pour le vent sur des bâtiments.

Pour le calcul on note $\theta(\Omega)$ l'angle orienté entre le vecteur normal en Ω à ∂C , orienté vers l'extérieur, et l'axe horizontal Ox (Fig. 7.8).

Dans ce cas, pour $\Omega \in \partial C$,

$$D_R(\Omega) = k_R \cdot D_0 \cdot \begin{pmatrix} \epsilon_n \cos^2 \theta(\Omega) + \epsilon_t \sin^2 \theta(\Omega) & (\epsilon_n - \epsilon_t) \cos \theta(\Omega) \sin \theta(\Omega) \\ (\epsilon_n - \epsilon_t) \cos \theta(\Omega) \sin \theta(\Omega) & \epsilon_t \cos^2 \theta(\Omega) + \epsilon_n \sin^2 \theta(\Omega) \end{pmatrix} \quad (7.6)$$

où ϵ_n et ϵ_t sont les poids respectifs des composantes du flux représentées sur les axes normal et tangent en $\Omega \in \partial C$. Par exemple, lorsque $\epsilon_n = \epsilon_t$, les vecteurs tangent et normal en $\Omega \in \partial C$ ont la même influence sur le flux, ce qui implique que la direction du flux reste inchangée, tandis que pour $\epsilon_n = 0$ et $\epsilon_t = 1$, seule la composante du flux sur la tangente à ∂C subsiste.

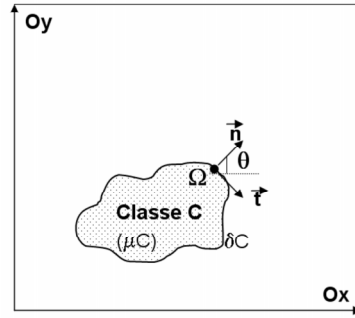


FIG. 7.8 – Notations pour le calcul des tenseurs

Remarque 1 Tous ces tenseurs sont indépendants du temps : leur calcul pour une région ne requiert donc qu'une seule image. La couverture nuageuse, qui en général limite l'utilisation des données optiques pour des études de suivi temporel nécessitant une série d'images, ne constitue donc pas ici un facteur limitant.

Remarque 2 Il faut noter que le calcul des tenseurs basé sur le LAI ne s'applique que pour des zones de végétation verte ; il ne s'agit pas d'un facteur limitant car c'est le cas de la majorité des régions pour lesquelles la diffusion des insectes est étudiée.

4 Forces d'attraction (H et K_H)

Comme cela a été évoqué dans le chapitre précédent (§4.2) les forces attractives qui s'exercent sur les insectes peuvent être dues à différents facteurs : la présence de mammifères, de certaines espèces végétales, etc. Ce qui importe pour le calcul de l'effet de ces forces dans l'équation de diffusion est donc d'identifier d'une part quelles sont les sources d'attraction et de calculer le champ d'attraction résultant H , et d'autre part d'estimer le coefficient d'attraction K_H , qui est, en première approximation, une constante positive.

4.1 Champ d'attraction H

Identification des zones d'attraction

Cette étape dépend des connaissances que l'on a sur le comportement des insectes étudiés : selon l'insecte considéré, les zones d'attraction pourront bien sûr être différentes.

Pour le cas des moustiques *Aedes*, nous considérons qu'ils sont attirés par la présence humaine, et donc par les zones d'habitation. Pour le cas d'autres insectes, comme des moucheron hémaphages qui se nourriraient sur animaux comme des ovins, les zones d'attraction pourront correspondre dans ce cas aux bergeries (un tel exemple sera donné dans le chapitre 11).

Extraction des zones d'habitations

Il s'agit ici d'utiliser les images de télédétection pour extraire les zones d'attraction. Nous donnons ici l'exemple pour le cas des moustiques vecteurs de la dengue.

Les zones d'attraction, qui correspondent pour notre cas aux zones d'habitations, peuvent être extraites à partir de la classification de données de télédétection à haute résolution spatiale dont le principe a été présenté précédemment (§3.1). Les données peuvent être des images multispectrales ou des photographies aériennes. La figure 7.9 présente un exemple d'une telle classification.

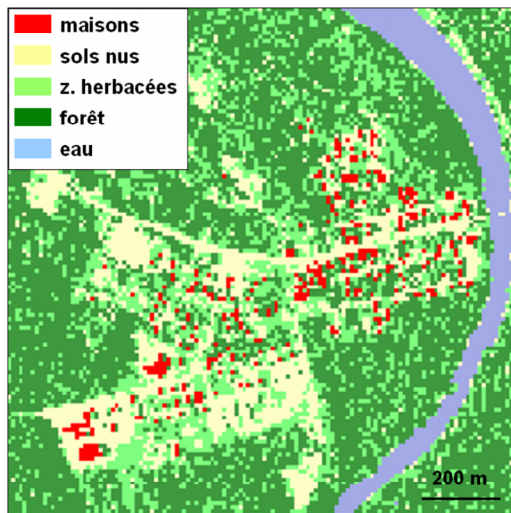


FIG. 7.9 – Classification de photographies aériennes sur Iracoubo

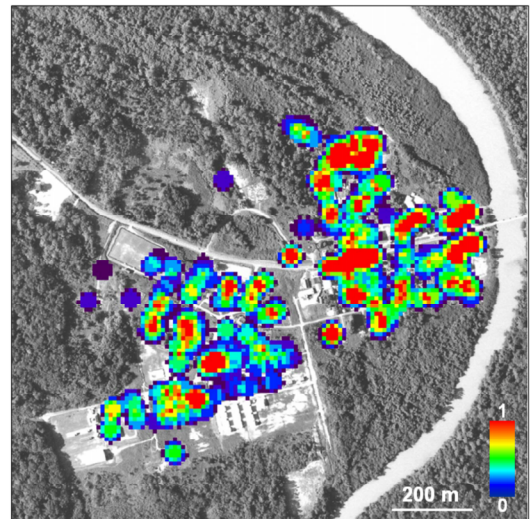


FIG. 7.10 – Carte du champ d'attraction H dû à la population humaine.

Calcul du champ d'attraction H

Dans un deuxième temps, le champ d'attraction créé par la présence humaine est calculé par une convolution sur l'image binaire des zones d'habitation (où les pixels de la classe habitations sont codés par la valeur 1 et les autres par la valeur 0) par un filtre dont les caractéristiques vont dépendre de l'attraction exercée.

Par exemple, le champ d'attraction est calculé ici en utilisant un filtre de type "passe-bas" : la valeur allouée à chaque pixel est le quotient du nombre de pixels de bâti dans un voisinage autour du pixel par le nombre de pixels total de la surface considérée.

La taille et la forme du voisinage choisis pour le calcul dépendent de la sensibilité des insectes (ici, des moustiques *Aedes*) aux sources d'attraction (ici, les hommes). Nous estimons ici la taille du voisinage à 100 mètres, avec une forme circulaire (Fig. 7.10).

4.2 Coefficient d'attraction K_H

Enfin, le coefficient K_H doit être estimé. Ce coefficient évalue la force de l'attraction exercée par la présence humaine sur les *Aedes*.

A défaut d'informations plus précises sur cette attraction, suite à différentes simulations l'ordre de grandeur de ce coefficient a été estimé à 100 (voir chapitre 9).

La figure 7.11 présente l'effet des forces d'attractions sur le flux des insectes.



FIG. 7.11 – Effet des forces d'attraction sur le flux des insectes. Les flèches symbolisent le flux des moustiques *Aedes*, dévié en fonction des forces d'attraction créées par la présence humaine (extrait de l'image sur Iracoubo).

Remarque Encore une fois, si des données à haute résolution spatiale sont ici utilisées pour la détection des zones d'habitations, finalement, pour se replacer aux échelles spatiales pour lesquelles les processus de diffusion ont un sens, l'image du champ d'attraction H doit être ré-échantillonnée avec une taille de pixel de 20 m.

4.3 Exemple

A titre d'exemple, les figures 7.12 et 7.13 montrent l'effet du tenseur de rugosité et des forces d'attraction pour une simulation sur Iracoubo (détaillée dans le chapitre 11), par rapport à une situation sans rugosité (avec un coefficient de diffusion constant D_0 pour tous les pixels de l'image) ni sources d'attraction.



FIG. 7.12 – Résultat de la simulation sur Iracoubo : distribution spatiale de la probabilité de présence des vecteurs avec l'effet de la rugosité du paysage et des forces d'attraction ($t=90$).

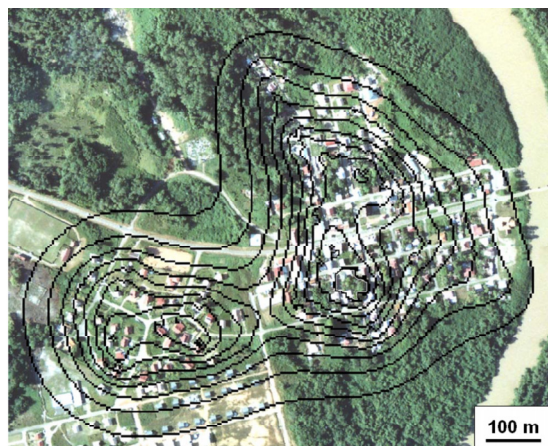


FIG. 7.13 – Résultat de simulations sur Iracoubo : distribution spatiale de la probabilité de présence des vecteurs avec un coefficient de diffusion constant, sans effet de rugosité, attraction et transport ($t=90$).

Sur les figures les lignes en noir sont des "courbes d'iso-densités" de moustiques *Aedes* qui reflètent la probabilité de présence des vecteurs.

5 Conclusion

Dans ce chapitre nous avons présenté des méthodes générales pour estimer à partir de données de télédétection certains des paramètres du modèle de diffusion des insectes présenté dans le chapitre précédent. Nous avons ainsi pu calculer les tenseurs de rugosité et de vent, ainsi que les forces d'attraction pour le cas des moustiques *Aedes*, vecteurs de la dengue. Nous utiliserons ces résultats par la suite (chapitres 11 et 12). Les termes sources α et puits β qui dépendent de l'écologie des insectes étudiés, seront détaillés pour le cas des *Aedes* en Guyane dans le chapitre 10.

Dans le chapitre suivant, nous utilisons le modèle de diffusion des insectes vecteurs pour mettre en place un modèle de diffusion d'une maladie à transmission vectorielle comme la dengue.

Chapitre 8

Modélisation de la dynamique spatio-temporelle de la dengue

*Dans ce chapitre, le modèle de diffusion décrit précédemment est adapté à la dynamique de moustiques vecteurs *Aedes aegypti*, le vecteur de la dengue. Ce modèle de diffusion est ensuite relié à un modèle qui décrit la dynamique des populations de vecteurs et d'hôtes en fonction de leur état (susceptibles, infectés, infectants, résistants).*

1 Introduction

La dynamique d'une maladie vectorielle comme la dengue dépend en grande partie de la dynamique de son vecteur, comme *Aedes aegypti*. Du moins à une échelle locale, les foyers de dengue correspondent à la diffusion de ce vecteur (cf. chapitre 5). C'est pourquoi nous nous intéressons d'abord aux populations des vecteurs, avec pour objectif principal le développement d'un outil permettant d'améliorer le contrôle des populations vectorielles. Le modèle général de diffusion pour les insectes proposé dans le chapitre précédent est adapté au cas de moustiques vecteurs comme *Aedes aegypti*, le vecteur de la dengue (section 2), puis le processus épidémique entier est décrit (section 3) et l'ensemble du modèle est discuté (section 4).

2 Population des vecteurs : adaptation du modèle précédent à *Aedes aegypti*

2.1 Rappel de l'équation de diffusion

Comme précédemment, la région étudiée est une zone d'une taille de quelques kilomètres, notée A , et Γ sa frontière. Des données environnementales sur A peuvent être calculées à partir de mesures de terrain, de stations météorologiques et de données de télédétection (cf. chapitre 7).

La dynamique des populations des moustiques vecteurs peut être décrite par l'équation de diffusion prenant en compte les paramètres environnementaux. Nous rappelons donc l'équation générale de diffusion établie dans le chapitre 6 et nous

l'écrivons cette fois explicitement à deux dimensions, pour chaque pixel Ω de la région A, d'une taille de l'ordre de quelques dizaines de mètres :

$$\left. \begin{aligned} \frac{\partial \rho}{\partial t}(\Omega, t) - \operatorname{div} \left[D_R(\Omega, t) \cdot \overrightarrow{\operatorname{grad}} \rho(\Omega, t) \right] + \operatorname{div} \left[D_W(\Omega, t) \cdot \overrightarrow{W}(\Omega, t) \cdot \rho(\Omega, t) \right] \\ + \operatorname{div} \left[K_H \cdot \rho(\Omega, t) \cdot \overrightarrow{\operatorname{grad}} H(\Omega) \right] = \alpha(\Omega, t) - \beta(\Omega, t), \Omega \in A, t > 0 \\ \rho(\Omega, 0) = \rho_0(\Omega), \Omega \in A \\ \rho(\Omega, t) = 0, \forall \Omega \in \Gamma \end{aligned} \right\} \quad (8.1)$$

Le *nombre moyen d'individus* dans le pixel Ω à l'instant t est noté $\rho(\Omega, t)$. Cette équation différentielle permet de relier la variation de la grandeur ρ à sa valeur instantanée. Ainsi, à partir des conditions initiales réalistes ρ_0 la résolution du système permet de calculer pour chaque instant t la valeur de ρ .

Les différents termes de (8.1) ont déjà été présentés dans le chapitre 6 mais nous les rappelons de manière explicite ici, pour le cas de la dengue.

2.2 Sources

Le terme $\alpha(\Omega, t)$ correspond au nombre de naissances (émergences) d'insectes dans Ω au temps t , par unité de temps et par pixel.

Pour le cas d'*Aedes aegypti*, une cartographie des gîtes larvaires peut être obtenue par des campagnes de mesures de terrain (comptage des gîtes disponibles) éventuellement couplées à l'utilisation de données satellitales à haute résolution spatiale (ou photographies aériennes) pour cartographier les zones propices à la prolifération des gîtes (ceci sera détaillé dans le chapitre 10). La pluviométrie a ensuite une influence essentielle sur la disponibilité des gîtes, lorsqu'ils sont extérieurs.

2.3 Puits

Le terme puits $\beta(\Omega, t)$ correspond au nombre de morts dans le pixel Ω au temps t , par unité de temps et par pixel, et comprend à la fois la mortalité naturelle des insectes et la mortalité due à une pulvérisation éventuelle d'insecticide (cf. chapitre 6). D'après (6.11) le terme "puits" dépend de la densité des vecteurs. Le taux de mortalité m dépend des conditions environnementales comme la température et l'humidité et l'efficacité des traitements insecticides. L'estimation du paramètre β pour le cas de la dengue sera détaillée dans le chapitre 10.

2.4 Tenseur de diffusivité

Le tenseur de diffusivité de l'équation de diffusion classique a été explicité pour exprimer de manière séparée les différents types de forçage s'exerçant sur les insectes (cf. chapitre 6).

Rugosité du paysage

Le terme $D_R(\Omega, t)$ est un tenseur 2x2 défini par l'effet de la surface sur la diffusion des insectes. Il traduit la rugosité du paysage sur le flux des insectes, à l'exclusion de tout effet de transport ou d'attraction.

Les coefficients du tenseur peuvent être calculés à partir du résultat de la classification de l'image de la région A en différents type d'occupation du sol, et de connaissances *a priori* sur le comportement du vecteur en fonction du type de paysage traversé (voir le détail du calcul dans le chapitre précédent).

Phénomène de transport

Le principal facteur de transport est ici le vent : la direction et l'intensité du vent peuvent être mesurées par des stations météorologiques et des techniques d'interpolation. Le champ de vecteur global \vec{W} est transformé par le tenseur vent $D_W(\Omega, t)$ qui permet de tenir compte de la rugosité du paysage pour le vent (cf. Chapitre 7).

Forces d'attraction

Le terme $H(\Omega)$ correspond à la *densité de population* dans le pixel Ω . Ce terme cause une force attractive sur le flux des insectes. L'intensité de cette force, orientée selon le terme $\vec{\text{grad}}H$ dans (8.1) est une fonction K_H prenant une valeur pour chaque pixel Ω de A. Elle est estimée par la connaissance du taux d'attraction exercé par les populations humaines sur les moustiques femelles (cf. chapitre 7).

3 Introduction d'un virus

Lorsqu'un virus est introduit dans la zone d'étude, les populations d'hôtes et de vecteurs peuvent être divisées entre des états correspondant à leur état infectieux (cf. chapitre 2). Un jeu d'équations différentielles permet de décrire les flux entre les différents états, tandis que la dynamique des vecteurs est calculée par l'équation de diffusion décrite précédemment.

3.1 Vecteurs

La population des vecteurs est divisée en trois classes, les vecteurs susceptibles [avec une densité $\rho_S(\Omega, t)$], les vecteurs infectés en période d'incubation extrinsèque $[\rho_I(\Omega, t)]$, et les vecteurs infectés pouvant transmettre le virus $[\rho_V(\Omega, t)]$, de telle sorte que l'on peut écrire l'équation de bilan suivante :

$$\rho(\Omega, t) = \rho_S(\Omega, t) + \rho_I(\Omega, t) + \rho_V(\Omega, t), \quad \Omega \in A, \quad t > 0 \quad (8.2)$$

La description du cycle de la dengue et la définition des états infectieux ont été données dans le chapitre 3 (§1.3). Une liste des paramètres du modèle est donnée dans la table (8.1).

Paramètre*	Définition	Dimension	Valeur typique†
ρ	densité de vecteurs	$[I][L]^{-2}$	—
ρ_S	densité de vecteurs susceptibles	$[I][L]^{-2}$	—
ρ_I	densité de vecteurs infectés en période d'incubation extrinsèque	$[I][L]^{-2}$	—
ρ_V	densité de vecteurs infectants (pouvant transmettre le virus par piqûre)	$[I][L]^{-2}$	—
H_S	densité de personnes susceptibles	$[H][L]^{-2}$	—
H_I	densité de personnes infectées en période d'incubation intrinsèque	$[H][L]^{-2}$	—
H_V	densité de personnes infectées en phase de virémie	$[H][L]^{-2}$	—
H_R	densité de personnes guéries	$[H][L]^{-2}$	—
τ_{EIP}	durée de la période d'incubation extrinsèque	$[T]$	7-12 jours
τ_{IIP}	durée de la période d'incubation intrinsèque	$[T]$	4-7 jours
τ_V	durée de la période de virémie	$[T]$	4-6 jours
τ_E	durée de développement du moustique	$[T]$	12 jours
C_{VH}	probabilité de transmission du vecteur à l'hôte	$[]$	0,75
C_{HV}	probabilité de transmission de l'hôte au vecteur	$[]$	0,75
C_{VV}	probabilité de transmission verticale	$[]$	0,003
N_B	Nombre de piqûres par vecteur et par jour	$[T]^{-1}$	
α_I, β_I	Termes d'apparition (α_I) et de disparition (β_I) des vecteurs infectés	$[I][L]^{-2}[T]^{-1}$	—
β_{I1}	Morts des vecteurs infectés	$[I][L]^{-2}[T]^{-1}$	—
β_{I2}	Vecteurs infectés devenant infectants après la période d'incubation extrinsèque	$[I][L]^{-2}[T]^{-1}$	—

*Tous les termes de densité sont donnés pour chaque pixel et donc avec pour dimension $[L]^{-2}$

†cf. chapitre 3

TAB. 8.1 – Modélisation d'une maladie à transmission vectorielle comme la dengue : définition de quelques paramètres utiles, de leur dimension physique et de certaines valeurs typiques

La densité de population humaine au pixel Ω est notée $H(\Omega)$. Les termes H_S , H_I , H_V et H_R correspondent respectivement au nombre de personnes susceptibles, infectées en période d'incubation intrinsèque, infectantes (période de virémie) et guéries (table 8.1).

On considère en général que l'état infectieux d'un moustique modifie peu son comportement (mobilité, mortalité). Aussi, les trois sous-populations ρ_S , ρ_I , ρ_V vont suivre la même dynamique que la population totale de vecteurs (ρ), avec des transitions d'un état à l'autre. Ainsi, leurs densités respectives peuvent être déduites du système (8.1). En effet, le système (8.1) permet de décrire la dynamique spatiale et temporelle de la population globale de vecteurs, dont les populations de vecteurs infectés sont un sous-groupe.

Nous réécrivons donc l'équation de diffusion (8.1) pour les moustiques infectés,

infectants et susceptibles. Les termes relatifs aux déplacements restent les mêmes. En revanche, les processus d'infection et de transitions entre les différents états modifient les termes de "sources" (apparition) et "puits" (disparition).

Le calcul de ρ_I et ρ_V est détaillé ci-dessous. La densité ρ_S sera finalement donnée par l'équation de bilan (8.2).

Vecteurs infectés

La densité des vecteurs infectés ρ_I vérifie (8.1) avec des termes modifiés de sources $\alpha_I(\Omega, t)$ et de disparition $\beta_I(\Omega, t)$ (exprimés en nombre de moustiques par pixel et par unité de temps) :

$$\left. \begin{aligned} \frac{\partial \rho_I(\Omega, t)}{\partial t} - \operatorname{div} \left[D_R(\Omega, t) \cdot \overrightarrow{\operatorname{grad}} \rho_I(\Omega, t) \right] + \operatorname{div} \left[D_W(\Omega, t) \cdot \overrightarrow{W}(\Omega, t) \cdot \rho_I(\Omega, t) \right] \\ + \operatorname{div} \left[K_H \cdot \rho_I(\Omega, t) \cdot \overrightarrow{\operatorname{grad}} H(\Omega, t) \right] = \alpha_I(\Omega, t) - \beta_I(\Omega, t), \Omega \in A, t > 0 \\ \rho_I(\Omega, 0) = \rho_{I0}(\Omega), \Omega \in A \\ \rho_I(\Omega, t) = 0, \forall \Omega \in \Gamma \end{aligned} \right\} \quad (8.3)$$

Cette équation différentielle, qui exprime la variation de ρ_I , permet de calculer à partir des conditions initiales (ρ_{I0}) la valeur de ρ_I .

Le terme $\alpha_I(\Omega, t)$ correspond au nombre de moustiques qui s'infectent dans le pixel Ω et au temps t , par unité de temps et par pixel, à la suite d'une piqûre sur un hôte en phase de virémie. C'est le produit de la densité de vecteurs susceptibles par le nombre de piqûres par jour (N_B) et par les probabilités de rencontre et de transmission de l'hôte au vecteur.

La probabilité pour un vecteur de rencontrer un hôte en phase de virémie dans le pixel Ω au temps t est proportionnelle au rapport $H_V(\Omega, t)/H(\Omega)$. Le taux de transmission est noté C_{HV} et est estimé par des tests en laboratoire.

Ainsi, le terme α_I peut s'écrire sous la forme :

$$\alpha_I(\Omega, t) = C_{HV} \cdot N_B \cdot \rho_S(\Omega, t) \cdot \frac{H_V(\Omega, t)}{H(\Omega)}, \Omega \in A, t > 0 \quad (8.4)$$

Le terme $\beta_I(\Omega, t)$ est le terme de "disparition" des moustiques infectés durant la période d'incubation extrinsèque dans le pixel Ω au temps t , exprimé par unité de temps et par pixel ; ce terme inclut la mortalité (notation : β_{I1}) et le nombre de moustiques infectés qui deviennent infectants après l'incubation extrinsèque (notation : β_{I2}). Ainsi,

$$\beta_I(\Omega, t) = \beta_{I1}(\Omega, t) + \beta_{I2}(\Omega, t), \Omega \in A, t > 0 \quad (8.5)$$

Considérant que les vecteurs infectés connaissent le même taux de mortalité que les autres vecteurs, leur taux de mortalité peut être déduit du taux de mortalité global $\beta(\Omega, t)$:

$$\beta_{I1}(\Omega, t) = \beta(\Omega, t) \cdot \frac{\rho_I(\Omega, t)}{\rho(\Omega, t)}, \Omega \in A, t > 0 \quad (8.6)$$

La durée de l'incubation extrinsèque est notée τ_{EIP} . Considérant l'ensemble de la région d'étude A , le nombre de moustiques infectés qui deviennent infectants après τ_{EIP} est égal au nombre de vecteurs qui se sont infectés au temps $t - \tau_{EIP}$ auquel on retranche le nombre de morts entre les temps $t - \tau_{EIP}$ et t . Comme les moustiques infectés se sont déplacés entre le temps $t - \tau_{EIP}$ et le temps t , il est difficile de connaître leur distribution exacte. Cependant nous faisons une approximation raisonnable en redistribuant la population totale de moustiques devenant infectants au temps t , entre les pixels pour lesquels $\rho_I \neq 0$. En effet, les moustiques qui se sont infectés au temps $t - \tau_{EIP}$ constituent un sous-ensemble de la population totale de moustiques infectés en période d'incubation extrinsèque ρ_I . On obtient donc :

$$\beta_{I2}(\Omega, t) = \left[\sum_{\Omega \in A} \alpha_I(\Omega, t - \tau_{EIP}) \right] \cdot \frac{\rho_I(\Omega, t)}{\sum_A \rho_I(\Omega, t)}, \Omega \in A, t > 0 \quad (8.7)$$

Vecteurs infectants

De la même manière, la densité de vecteurs infectants ρ_V (qui peuvent transmettre le virus) vérifie (8.1) avec les termes modifiés d'apparition et de disparition $\alpha_V(\Omega, t)$ et $\beta_V(\Omega, t)$.

Le terme $\alpha_V(\Omega, t)$ prend en compte deux types de transmission : la transmission horizontale (de l'hôte au vecteur) et la transmission verticale (du vecteur vers sa descendance). Par conséquent c'est la somme du nombre de moustiques infectés qui deviennent infectants après τ_{EIP} (c'est-à-dire β_{I2} donné par (8.7)) et du nombre d'émergences de moustiques infectés.

Le taux d'émergences dues aux moustiques femelles infectantes par rapport au nombre total d'émergences au pixel Ω et au temps t est estimé par le taux $\rho_V(\Omega, t - \tau_E) / \rho(\Omega, t - \tau_E)$, τ_E étant la durée de développement du moustique¹. En effet, l'état infectieux des moustiques ne modifie pas son comportement pour la ponte.

Ainsi, le nombre d'émergences infectées par unité de temps est le produit entre le terme global d'émergences $\alpha(\Omega, t)$ par pixel et par unité de temps, le taux de naissances infectées et la probabilité de transmission verticale C_{VV} :

$$\alpha_V(\Omega, t) = \beta_{I2}(\Omega, t) + C_{VV} \cdot \alpha(\Omega, t) \cdot \frac{\rho_V(\Omega, t - \tau_E)}{\rho(\Omega, t - \tau_E)}, \Omega \in A, t > 0 \quad (8.8)$$

Le terme $\beta_V(\Omega, t)$ est le nombre de morts des moustiques infectants au pixel Ω et au temps t (exprimé par unité de temps et par pixel). Par le même raisonnement que pour $\beta_{I1}(\Omega, t)$ on obtient :

$$\beta_V(\Omega, t) = \beta(\Omega, t) \cdot \frac{\rho_V(\Omega, t)}{\rho(\Omega, t)}, \Omega \in A, t > 0 \quad (8.9)$$

¹Cette durée correspond au passage de la larve au moustique adulte (les oeufs, après éclosion, donnent des larves qui se transforment en nymphes, desquelles émergeront des adultes).

Vecteurs susceptibles

Enfin, la densité de la population de vecteurs susceptibles $\rho_S(\Omega, t)$ est donnée par l'équation (8.2). Elle est égale à la densité de vecteurs au pixel Ω et au temps t $\rho(\Omega, t)$ à laquelle on retranche $\rho_I(\Omega, t)$ et $\rho_V(\Omega, t)$.

3.2 Hôtes

Une estimation du nombre de personnes susceptibles, infectées en période d'incubation, virémiques, et guéries peut être donnée pour chaque pixel par un jeu d'équations différentielles.

Hôtes susceptibles

L'évolution du nombre de personnes susceptibles H_S est une diminution correspondant au nombre de personnes qui sont infectées par une piqûre de moustique. Cette diminution est égale au produit du nombre de personnes susceptibles par la probabilité de rencontre avec un moustique infecté (approchée par le rapport ρ_V/ρ), par le nombre de piqûres (N_B) et par la probabilité de transmission de vecteur à hôte (notée C_{VH}) :

$$\frac{dH_S}{dt}(\Omega, t) = - \left(C_{VH} \cdot N_B \cdot H_S(\Omega, t) \cdot \frac{\rho_V(\Omega, t)}{\rho(\Omega, t)} \right), \quad \Omega \in A, \quad t > 0 \quad (8.10)$$

Hôtes infectés

La variation du nombre d'hôtes infectés en phase d'incubation (H_I) est le nombre de personnes qui s'infectent (donné par (8.10)) auquel on retranche le nombre de personnes infectées qui deviennent infectantes après la période d'incubation intrinsèque (notée τ_{IIP}) :

$$\frac{dH_I}{dt}(\Omega, t) = \left\{ \begin{array}{l} \left(C_{VH} \cdot H_S(\Omega, t) \cdot N_B \cdot \frac{\rho_V(\Omega, t)}{\rho(\Omega, t)} \right) \\ - \left(C_{VH} \cdot H_S(\Omega, t - \tau_{IIP}) \cdot N_B \cdot \frac{\rho_V(\Omega, t - \tau_{IIP})}{\rho(\Omega, t - \tau_{IIP})} \right) \end{array} \right\} \quad (8.11)$$

$\Omega \in A, \quad t > 0$

Hôtes infectants

De la même manière, la variation du nombre d'hôtes en phase virémique H_V est égale au nombre de personne qui deviennent infectantes (ce nombre correspond au deuxième terme du membre de droite de (8.11)) auquel on retranche le nombre de personnes qui guérissent, après la phase de virémie (notée τ_V) :

$$\left. \begin{aligned} \frac{dH_V}{dt}(\Omega, t) = & \left(C_{VH} \cdot H_S(\Omega, t - \tau_{IIP}) \cdot N_B \cdot \frac{\rho_V(\Omega, t - \tau_{IIP})}{\rho(\Omega, t - \tau_{IIP})} \right) \\ & - \left(C_{VH} \cdot H_S(\Omega, t - \tau_{IIP} - \tau_{VP}) \cdot N_B \cdot \frac{\rho_V(\Omega, t - \tau_{IIP} - \tau_V)}{\rho(\Omega, t - \tau_{IIP} - \tau_V)} \right) \\ & \Omega \in A, t > 0 \end{aligned} \right\} \quad (8.12)$$

Guéris

Enfin, la variation du nombre de personnes guéries H_R est donnée par l'équation de bilan semblable à (8.2) :

$$H_R(\Omega, t) = H(\Omega, t) - H_S(\Omega, t) - H_I(\Omega, t) - H_V(\Omega, t), \quad \Omega \in A, t > 0 \quad (8.13)$$

Remarque

La propagation d'une épidémie de dengue est due, à une échelle locale, outre le déplacement des vecteurs, au déplacement des personnes, comme l'illustre l'étude sur la dengue à Iracoubo (cf. chapitre 5). En effet, des malades en phase virémique, en se déplaçant, peuvent infecter des vecteurs susceptibles ; ou bien des personnes susceptibles peuvent s'infecter lors de déplacements dans des endroits où les densités de vecteurs infectants sont fortes. Ce point est discuté plus en détail dans la section suivante.

3.3 Résolution

Le système (8.1) sera résolu par une méthode numérique (cf. chapitre 9) avec un pas de temps de l'ordre de 1 jour, la discrétisation spatiale correspondant à la taille du pixel de l'image.

Les systèmes d'équations modifiés pour les vecteurs infectés et infectants permettent alors de simuler la dynamique spatiale et temporelle des populations de vecteurs *Aedes aegypti* susceptibles, infectés, infectants.

La dynamique des populations d'hôtes H_S , H_I , H_V et H_R est obtenue par la résolution numérique des équations (8.10), (8.11), (8.12) et (8.13).

Le détail de la résolution numérique est donné dans le chapitre 9.

4 Discussion

Dans ce chapitre, un modèle pour la dynamique spatiale et temporelle de la dengue a été présenté. Ce modèle a été développé pour être applicable à la lutte contre la dengue, donc au contrôle des populations de vecteurs. Ainsi nous nous sommes concentrés sur un modèle de diffusion du vecteur, à une échelle locale (ville, village, quartier). Le modèle ainsi présenté reste générique, c'est-à-dire que l'on peut facilement envisager de l'adapter à d'autres maladies transmises par des insectes vecteurs. Étant donné que c'est avant tout le point de vue de la diffusion des moustiques

vecteurs qui a guidé la mise en place du modèle, certains facteurs pouvant être pertinents pour la dynamique de la dengue n'ont pas été inclus de manière explicite. Ceci est discuté dans cette partie.

4.1 Les déplacements des personnes

Tout d'abord, le mouvement des personnes n'a pas été directement modélisé ici, alors qu'il peut s'agir d'un facteur important dans la propagation d'une épidémie. En effet, les déplacements des personnes, comme nous l'avons évoqué plus haut, modifient les termes H_S et H_V en fonction du temps, et ainsi les processus de transmission. Notre choix s'est basé sur deux constatations.

Dans un premier temps, les déplacements des hommes, s'ils peuvent être modélisés à l'échelle d'une région en utilisant par exemple des données concernant les flux de personnes le long des axes routiers, comme peuvent le fournir en France des administrations telle que la DDE², le sont difficilement à l'échelle locale, qui est l'échelle à laquelle les actions de contrôle des populations vectorielles (démoustication) sont effectuées. A cette échelle, les déplacements des personnes resteront toujours imprévisibles.

D'autre part, la lutte contre la dengue passe par le contrôle des populations de moustiques vecteurs, non par la limitation des déplacements humains. Aussi il paraît plus pertinent, pour développer un outil efficace de lutte anti-vectorielle, de modéliser de manière prédictive dans un premier temps la diffusion des vecteurs et l'implication en terme de risque épidémiologique. Les déplacements des personnes dont l'effet est de générer de nouveaux foyers peuvent être inclus dans le modèle soit par le biais de simulations (variations temporelles de H_S et H_V), soit en intégrant des données réelles issues de la surveillance des nouveaux cas (un nouveau cas observé correspondant à la modification de H_V). Cette dernière solution implique que le modèle soit lié à des résultats d'enquêtes épidémiologiques régulières pour pouvoir être utilisé comme un outil de contrôle de manière opérationnelle.

4.2 Influence des paramètres environnementaux comme la température, les précipitations, l'humidité sur les populations de vecteurs

Pour la dengue, les paramètres environnementaux comme la température, les précipitations et l'humidité jouent principalement sur les termes sources (α) et puits (β), ainsi que sur les durées d'incubation.

On sait par exemple que les températures ont un effet sur la durée de l'incubation extrinsèque (τ_{EIP}) et la mortalité des adultes (\mathbf{m}), paramètres qui peuvent donc être ajustés en prenant compte ce facteur (cf. chapitre 3) [Watts *et al.*, 1987]. Les précipitations influent sur la disponibilité des gîtes larvaires, lorsque ceux-ci sont situés à l'extérieur, et affectent donc également le terme source α . L'humidité est très favorable à la survie des vecteurs (influence sur le terme β) [Jetten et Focks, 1997],

²Direction Départementale de l'Équipement

jusqu'à un certain seuil ; en effet des précipitations trop fortes sont défavorables au taux de survie.

Par sa structure, le modèle reste ouvert pour tenir compte de ces paramètres environnementaux, à condition que ces relations entre les paramètres liés à la biologie du vecteur et les données météorologiques soient précisées (par des études entomologiques).

4.3 Immunité des populations hôtes

L'immunité des populations est un facteur important parce qu'il détermine le nombre de personnes initialement susceptibles ($H_S(t=0)$). En fonction des virus qui ont déjà circulé dans la zone d'étude, il sera différent. L'état d'immunité d'une population peut être estimé, au moins de manière qualitative, à partir de l'historique de la circulation de la dengue, et de données de recensement (cf. chapitre 4).

Il s'agit d'un facteur important qui ne peut être évalué qu'à la condition que les cas de dengue déclarés aient été localisés dans le temps et dans l'espace, ce qui implique un recueil précis des cas de dengue. D'autre part, ces données recueillies dans un cadre de surveillance épidémiologique doivent être conservées pour constituer une "base historique" de données sur la circulation de la dengue dans une région.

4.4 Pratiques locales

Enfin, au niveau individuel, l'utilisation de moustiquaires, de systèmes de climatisation, de produits répulsifs, d'insecticides domestiques, etc, sont autant de facteurs qui ont un effet réducteur sur la probabilité de contact entre les hôtes et les vecteurs (le paramètre N_B) ou sur les populations de moustiques (en augmentant le terme β). Au contraire, des négligences (récipients abandonnés à l'extérieur) peuvent avoir un effet multiplicateur sur le nombre de gîtes. Ces influences peuvent être estimées par une enquête épidémiologique auprès des populations.

5 Conclusion

Le modèle proposé a été développé en se basant sur deux remarques. D'une part, des modèles pour la dynamique à la fois spatiale et temporelle des maladies infectieuses sont requis pour l'étude et surtout le contrôle de l'expansion de maladies vectorielles comme la dengue. D'autre part, les données issues des images de télédétection et stations météorologiques, sont aujourd'hui à même d'alimenter ces types de modèles.

Ainsi, le modèle proposé concerne la diffusion des insectes vecteurs et est basé sur des paramètres environnementaux issus de ce type de données. Il permet en particulier de prendre en compte de manière séparée les différents phénomènes influant sur la dynamique des vecteurs : phénomène de transport, forces attractives et répulsives, structure du paysage. Le modèle est ensuite couplé à un système d'équations différentielles traduisant les processus de transmission du vecteur à l'hôte (et inversement), dont les caractéristiques peuvent également être dérivées de données environnementales spatialisées.

Dans ce chapitre, l'objectif était de présenter de manière générale les équations du modèle de la dynamique d'une maladie à transmission vectorielle comme la dengue. Le détail de la résolution numérique, ainsi que des premières simulations sur des paysages artificiels, sont donnés dans le chapitre suivant.

Chapitre 9

Résolution numérique et simulations

Dans ce chapitre, la résolution numérique du système est détaillée. Ensuite, nous présentons deux applications du modèle pour des situations artificielles, comme première validation des équations et de leur solution numérique.

1 La résolution du système

1.1 Résolution numérique de l'équation de diffusion

Nous rappelons le système pour l'équation de diffusion établie dans le chapitre 6 :

$$\left. \begin{aligned} \frac{\partial \rho}{\partial t}(\Omega, t) - \operatorname{div} \left[D_R(\Omega, t) \cdot \overrightarrow{\operatorname{grad}} \rho(\Omega, t) \right] + \operatorname{div} \left[D_W(\Omega, t) \cdot \overrightarrow{W}(\Omega, t) \cdot \rho(\Omega, t) \right] \\ + \operatorname{div} \left[K_H \cdot \rho(\Omega, t) \cdot \overrightarrow{\operatorname{grad}} H(\Omega) \right] = \alpha(\Omega, t) - \beta(\Omega, t), \Omega \in A, t > 0 \\ \rho(\Omega, 0) = \rho_0(\Omega), \Omega \in A \\ \rho(\Omega, t) = 0, \forall \Omega \in \Gamma \end{aligned} \right\} \quad (9.1)$$

Étant donné la relative complexité d'un tel système, la seule manière de le résoudre consiste à adopter une solution numérique, à moins de faire d'importantes hypothèses simplificatrices qui en général permettent de résoudre l'équation mais excluent tout espoir d'une application opérationnelle. Nous détaillons ici les étapes de cette résolution, en séparant les parties "diffusion des insectes" et "processus épidémique".

Principe général de la méthode de Crank-Nicholson

Si l'on note l'équation de diffusion sous la forme simplifiée :

$$\frac{\partial \rho}{\partial t} = A\rho + B \quad (9.2)$$

où A est l'opérateur différentiel, on approche (9.2) par :

$$\frac{\rho(\Omega, t + \delta t) - \rho(\Omega, t)}{\delta t} = A \left[\frac{\rho(\Omega, t + \delta t) + \rho(\Omega, t)}{2} \right] + B \left(\Omega, t + \frac{\delta t}{2} \right) \quad (9.3)$$

où δt est le pas de temps et Ω un pixel de l'image de la zone d'étude.

En effet, l'expression $\frac{\rho(\Omega, t + \delta t) - \rho(\Omega, t)}{\delta t}$ est une meilleure approximation de $\frac{\partial \rho}{\partial t} \left(t + \frac{\delta t}{2} \right)$ que de $\frac{\partial \rho}{\partial t}(t)$. La méthode de Crank-Nicholson est basée sur cette remarque.

Forme discrète des opérateurs

Afin d'écrire (9.1) sous sa forme discrète, il nous faut tout d'abord expliciter les opérateurs divergence et gradient : ils sont notés sous leur forme discrète respectivement ∇_L et $\vec{\nabla}_L$ et ils sont définis pour toute fonction f par

$$\nabla_L f(\Omega) = \frac{f(\Omega_E) - f(\Omega_W)}{2L} + \frac{f(\Omega_N) - f(\Omega_S)}{2L} \quad (9.4)$$

et

$$\vec{\nabla}_L f(\Omega) = \frac{1}{2L} \begin{pmatrix} f(\Omega_E) - f(\Omega_W) \\ f(\Omega_N) - f(\Omega_S) \end{pmatrix} \quad (9.5)$$

où L est l'échelle spatiale et $\Omega_E, \Omega_W, \Omega_N$ et Ω_S les pixels respectivement à l'est, à l'ouest, au nord et sud du pixel Ω (figure 9.1).

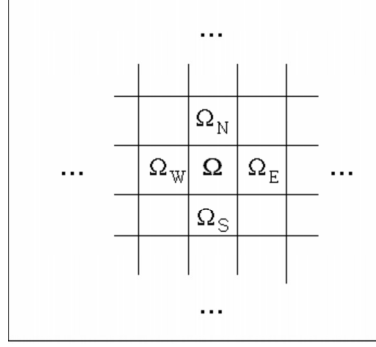


FIG. 9.1 – Notations pour le calcul des opérateurs divergence et gradient

Forme discrète de l'équation de diffusion

En notant par la suite

$$\rho^j(\Omega) = \rho(\Omega, j \cdot \delta t) \quad (9.6)$$

et compte tenu des expressions précédentes pour les opérateurs divergence et gradient et de l'approximation (9.3), le système (9.1) peut prendre la forme discrète :

$$\left. \begin{aligned} & \frac{\rho^{j+1}(\Omega) - \rho^j(\Omega)}{\delta t} - \nabla_L \left[D_R(\Omega, (j+1/2) \cdot \delta t) \cdot \vec{\nabla}_L \tilde{\rho}(\Omega, j \cdot \delta t) \right] \\ & + \left[D_W \vec{W}(\Omega, (j+1/2) \cdot \delta t) \cdot \vec{\nabla}_L \tilde{\rho}(\Omega, j \cdot \delta t) + \nabla_L \left[K_H \cdot \tilde{\rho}(\Omega, j \cdot \delta t) \cdot \vec{\nabla}_L H(\Omega) \right] \right] \\ & = \alpha(\Omega, (j+1/2) \cdot \delta t) - \beta(\Omega, (j+1/2) \cdot \delta t) \end{aligned} \right\} \quad \Omega \in A, j = 0, 1, 2, \dots \quad (9.7)$$

où $\tilde{\rho}(\Omega, j \cdot \delta t)$ est la valeur moyenne de ρ entre les temps $j \cdot \delta t$ et $j \cdot \delta t + \delta t$:

$$\tilde{\rho}(\Omega, j \cdot \delta t) = \frac{1}{2} [\rho(\Omega, (j+1) \cdot \delta t) + \rho(\Omega, j \cdot \delta t)] = \frac{1}{2} [\rho^{j+1}(\Omega) + \rho^j(\Omega)] \quad (9.8)$$

Les opérateurs A et B de l'expression 9.3) peuvent donc être détaillés par :

$$A[\tilde{\rho}(\Omega, j \cdot \delta t)] = \left. \begin{aligned} & \nabla_L \left[D_R(\Omega, (j + 1/2) \cdot \delta t) \cdot \vec{\nabla}_L \tilde{\rho}(\Omega, j \cdot \delta t) \right] \\ & - \left[D_W \vec{W}(\Omega, (j + 1/2) \cdot \delta t) \right] \cdot \vec{\nabla}_L \tilde{\rho}(\Omega, j \cdot \delta t) \\ & - \nabla_L \left[K_H \cdot \tilde{\rho}(\Omega, j \cdot \delta t) \cdot \vec{\nabla}_L H(\Omega) \right] \end{aligned} \right\} \quad (9.9)$$

et

$$B(\Omega, (j + 1/2) \cdot \delta t) = \alpha(\Omega, (j + 1/2) \cdot \delta t) - \beta(\Omega, (j + 1/2) \cdot \delta t) \quad (9.10)$$

Résolution

Finalement l'équation de diffusion discrète (9.7) s'écrit sous la forme :

$$N\rho^{j+1} = M\rho^j + B \text{ pour } j = 0, 1, \dots \quad (9.11)$$

où les matrices N et M sont respectivement $(Id - \frac{\delta t}{2}A)$ et $(Id + \frac{\delta t}{2}A)$. On obtient ainsi finalement

$$\rho^{j+1} = N^{-1}(M\rho^j + B) \text{ pour } j = 0, 1, \dots \quad (9.12)$$

La matrice N est inversée par la méthode du gradient conjugué [Lions, 1971]. La connaissance des conditions initiales $\rho^0 = \rho_0$ pour $t=0$ et la solution de (9.12) permettent de calculer ρ^1 au premier pas de temps δt , et ainsi de suite pour obtenir ρ^2 au temps $t = 2 \cdot \delta t$, etc.

Les matrices M , N et B de (9.11) peuvent alors être dérivées de cette expression et le système résolu par la méthode du gradient conjugué.

Remarque Le terme B dépend de ρ , mais cette semi-linéarité ne cause pas de difficulté particulière, étant donné que l'on prend $B(\rho^j)$ dans (9.12).

1.2 Calcul du processus épidémique

La résolution des équations pour déterminer ρ_S , ρ_I , ρ_V , H_S , H_I , H_V et H_R ne pose pas de difficulté particulière.

La résolution des équations de diffusion pour ρ_I (8.3) et ρ_V s'effectue de la même manière que pour ρ . La valeur de ρ_S découle de (8.2).

Les équations pour H_S (8.10), H_I (8.11), H_V (8.12) et H_R (8.13) deviennent sous leur forme discrète respectivement :

$$H_S^{j+1} = H_S^j - \left(C_{VH} \cdot N_B \cdot H_S^j \cdot \frac{\rho_V^j}{\rho^j} \right) \cdot \delta t \quad (9.13)$$

$$H_I^{j+1} = H_I^j + \left(C_{VH} \cdot H_S^j \cdot N_B \cdot \frac{\rho_V^j}{\rho^j} - C_{VH} \cdot H_S^{j - [\frac{\tau_{HIP}}{\delta t}]} \cdot N_B \cdot \frac{\rho_V^{j - [\frac{\tau_{HIP}}{\delta t}]}}{\rho^{j - [\frac{\tau_{HIP}}{\delta t}]}} \right) \cdot \delta t \quad (9.14)$$

$$H_V^{j+1} = H_V^j + \left(C_{VH} \cdot H_S^j \cdot N_B \cdot \frac{\rho_V^j}{\rho^j} - C_{VH} \cdot H_S^{j - \lceil \frac{\tau_{IH} + \tau_V}{\delta t} \rceil} \cdot N_B \cdot \frac{\rho_V^{j - \lceil \frac{\tau_{IH} + \tau_V}{\delta t} \rceil}}{\rho^{j - \lceil \frac{\tau_{IH} + \tau_V}{\delta t} \rceil}} \right) \cdot \delta t \quad (9.15)$$

et enfin,

$$H_R^{j+1} = H_S^{j+1} - H_I^{j+1} - H_V^{j+1} \quad (9.16)$$

Ainsi toutes les valeurs de H_S , H_I , H_V et H_R peuvent être calculées pas à pas à partir des conditions initiales H_S^0 , H_I^0 , H_V^0 et H_R^0 .

2 Simulation de la diffusion des insectes

Cette première simulation illustre le rôle des forces de transport et d'attraction sur un processus de diffusion dans un milieu homogène. Les valeurs des paramètres sont choisies de manière approximative avec des ordres de grandeur réalistes.

Description

La présence d'une zone attractive est représentée par un point au centre (légèrement nord-ouest) de la région d'étude A (figure 9.2). Le vent est choisi avec une direction fixe, et les variations de son intensité sont données dans la figure (9.2h). L'émergence d'insectes est simulée avec une unique source dans le quart sud-ouest de la région A (figure 9.2g). Le paysage ne présente pas de structure particulière, aussi le milieu est homogène, sans "rugosité" (l'effet de la rugosité sera détaillé plus amplement avec des simulations sur des paysages réels dans la partie 4).

La résolution du système (9.1) par la méthode numérique détaillée ci-dessus permet d'obtenir, pour chaque pas de temps $j \cdot \delta t$, une table des valeurs de densités d'insectes $\rho(\Omega, j \cdot \delta t)$, pour $\Omega \in A$ et ($j = 0, 1, 2, \dots$).

La figure (9.2) présente un premier exemple de ces tables, pour différentes valeurs $j \cdot \delta t$: chaque image correspond à un pas de temps différent.

Résultats

Au début de la simulation, le processus de diffusion "pure" joue le rôle principal sur la dynamique de la population d'insectes. En effet, le vent est trop faible pour avoir un effet, et la région d'attraction est trop éloignée de la source des insectes (figure 9.2a).

Dès que l'intensité du vent augmente cependant, le phénomène de transport intervient (Fig. 9.2b).

Le premier mouvement vers la position de la région d'attraction (correspondant par exemple à la présence de mammifères) apparaît dans la figure (figure 9.2c) et la population est divisée en deux agrégats distincts : l'un attiré par la région d'attraction, l'autre emporté par le vent (figure 9.2d et e).

Enfin, lorsque l'intensité du vent diminue, l'ensemble de la population d'insectes se rassemble autour du foyer d'attraction, milieu de l'image (figure 9.2f).

Ce premier test montre que le modèle proposé pour la diffusion pour les insectes a une solution calculable et que cette solution est réaliste (les effets de transport par le vent et les forces d'attraction, modifient la dynamique des insectes de la manière attendue).

Dans la section suivante, une deuxième simulation montre les résultats du modèle sur un processus épidémique.

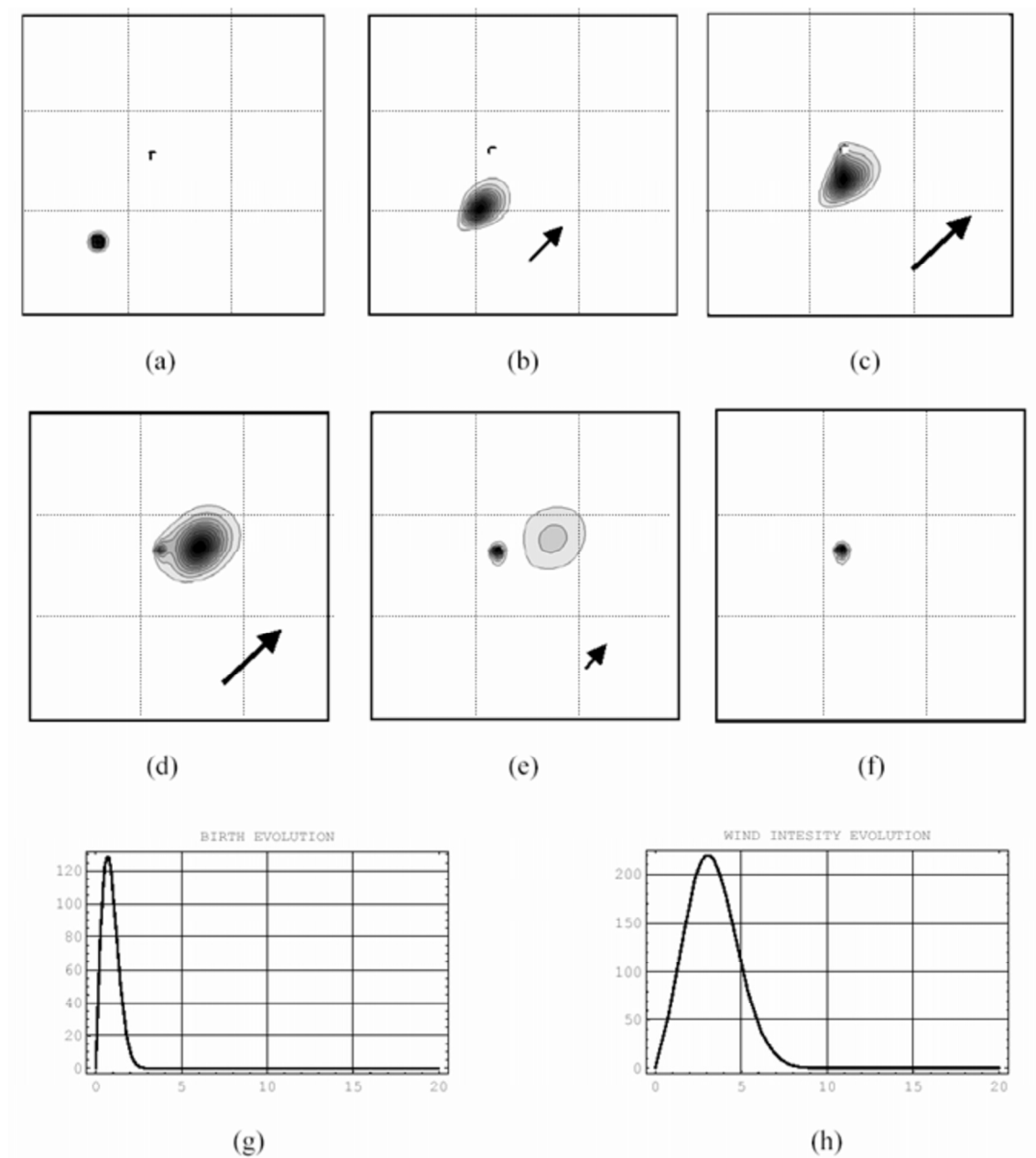


FIG. 9.2 – Simulation de la dynamique d'une population d'insectes sur un paysage artificiel

3 Simulation d'un processus épidémique

Afin de visualiser séparément l'influence des différents phénomènes comme le vent, l'attraction humaine, les mouvements de personnes sur la propagation spatiale d'un virus de la dengue, le modèle proposé (chapitre 8) a été testé sur un paysage artificiel.

3.1 Description

La figure (9.3) présente l'évolution des différents paramètres calculés par le modèle : la population totale des vecteurs (de densité ρ), la population des vecteurs infectés ($\rho_I + \rho_V$) et la population humaine infectée ($H_I + H_V$).

Le paysage est constitué de quatre voisinages différents et, afin de simplifier la simulation, de seulement deux points sources pour les vecteurs (figure 9.3 : les points S_1 et S_2). Dans la simulation l'ensemble de la population humaine est supposée susceptible au départ ($H_S^0 = H$), ce qui correspond au cas où le virus de la dengue n'a jamais circulé dans la zone d'étude (cas de la commune d'Iracoubo avant l'arrivée du virus dengue-3 en 2001 par exemple).

Un virus (on considère ici un seul sérotype) est introduit dans la zone d'étude par une personne infectante, au point V_1 . En raison de la dynamique des vecteurs, qui dépend ici uniquement du vent et de l'attraction exercée par la présence humaine, d'autres voisinages sont infectés. Enfin, un hôte infecté, en phase de virémie (et donc infectant) se déplace d'un des voisinages infectés vers le point V_2 .

La simulation permet d'observer, de manière qualitative toujours, l'évolution spatiale et temporelle du nombre de personnes susceptibles, infectées en période d'incubation, infectantes et guéries.

3.2 Résultats

Le rôle des principaux facteurs jouant sur la propagation spatiale de la dengue peut être analysé par la visualisation, pas de temps après pas de temps, de la distribution des hôtes et des vecteurs infectés (figure 9.3).

Si la densité de vecteurs est suffisante au point V_1 lorsque le virus est introduit, plusieurs vecteurs sont infectés (figure 9.3 : $t=3$ jours), et après un certain temps (la période d'incubation extrinsèque), ces vecteurs transmettent le virus à des personnes susceptibles du voisinage (figure 9.3 : $t=12$ jours), créant ainsi un premier foyer d'infection.

Effet du vent

Transportés par le vent, certains vecteurs infectés sont déplacés et un deuxième voisinage est infecté (figure 9.3 : $t=21-30$).

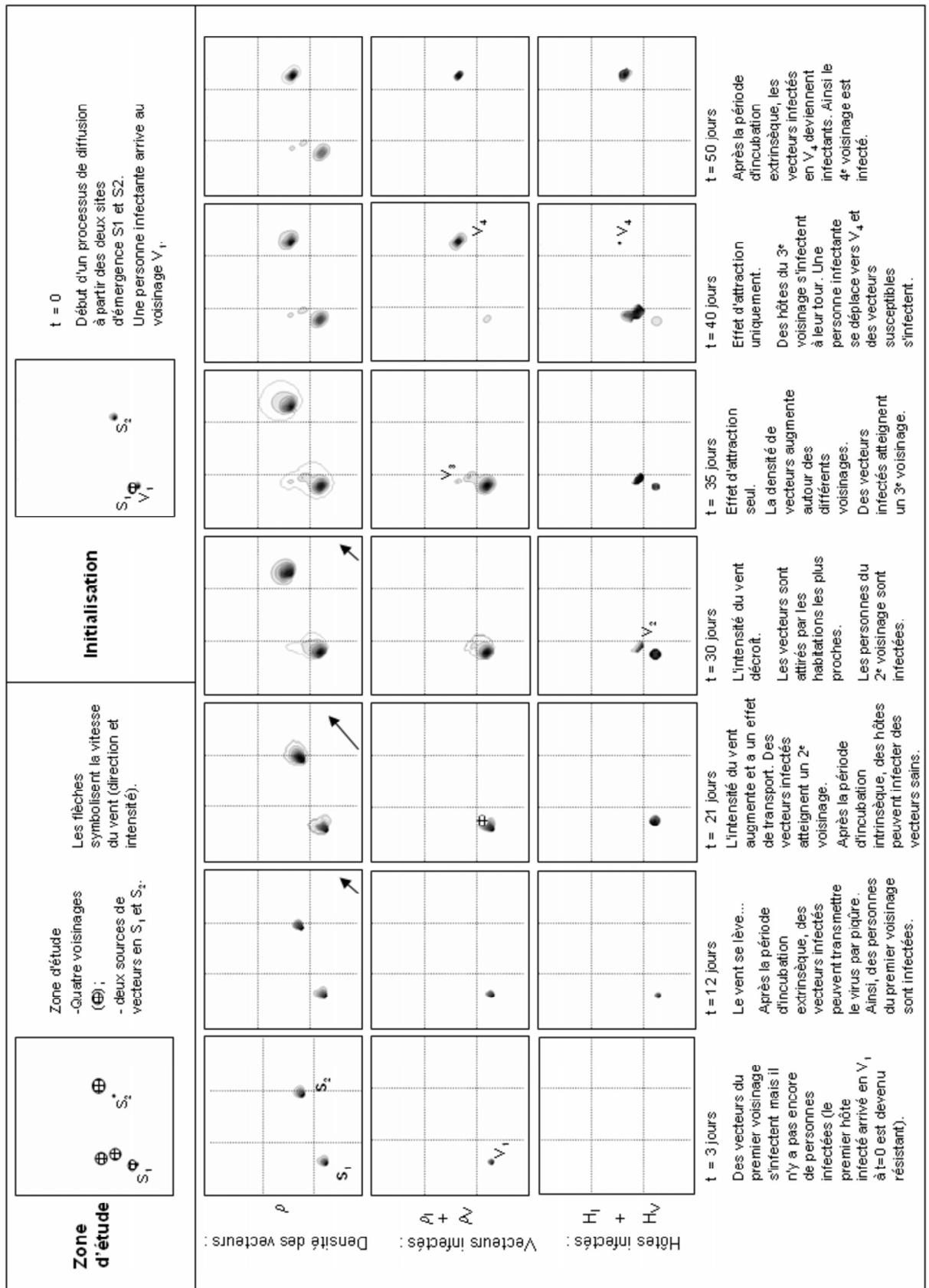


FIG. 9.3 – Simulation d'un processus épidémique sur un paysage artificiel

Attraction due à la présence humaine

Attirés par la présence humaine (les différents voisinages constituent ici les régions d'attraction), les vecteurs infectés transmettent le virus à un troisième voisinage proche (figure 9.3 : $t=35-40$).

Déplacement des personnes

Enfin, lorsqu'une personne malade (en phase de virémie) se déplace d'un quartier infecté vers un nouveau quartier, un nouveau foyer de dengue se crée, à la condition que des populations de vecteurs susceptibles soient présentes (figure 9.3 : $t=50$).

Ces résultats, très simples, montrent à nouveau que le modèle pour la dengue a une solution calculable par une résolution numérique, et mettent en évidence les différents mécanismes qui déterminent la propagation spatiale d'une épidémie de dengue. En particulier, les rôles respectifs des moustiques vecteurs d'une part (diffusion de l'épidémie en foyers en fonction de la présence de zones d'attraction, et de phénomène de transport passif), et des hommes d'autre part (déplacements sur de plus grandes distances), sont bien traduits.

4 Conclusion

Dans ce chapitre, la méthode de résolution numérique du modèle a été détaillée. L'utilisation d'une telle méthode permet de résoudre un système complexe car illustrant au mieux des conditions réalistes, et permet donc d'envisager l'utilisation du modèle pour des applications pratiques concrètes.

Les simulations très simples qui ont été présentées montrent que le modèle permet de traduire de manière réaliste le rôle joué par les différents types de processus (transport, attraction) sur la propagation de la maladie.

Conclusion de la troisième partie

Dans cette troisième partie, un modèle dynamique pour la diffusion des insectes vecteurs et pour celle d'une maladie à transmission vectorielle comme la dengue a été proposé. Les premiers tests montrent que le modèle a une solution et que cette solution est réaliste. L'application du modèle pour des simulations sur des paysages réels fait l'objet de la partie 4.

Quatrième partie

Applications

Le modèle de la diffusion des insectes et celui de la dynamique de la dengue proposés précédemment sont appliqués à différents cas concrets. Dans le chapitre 10, les différents paramètres du modèle sont explicités pour le cas de la dengue en Guyane. Dans le chapitre 11, nous nous intéressons uniquement à la diffusion d'insectes vecteurs et testons le modèle de diffusion sur différents cas : celui de la dynamique des populations de moustiques Aedes en Guyane, à Iracoubo et sur différents quartiers de l'Île de Cayenne ; un exemple d'application pour un contexte différent (épidémiologique et géographique) est également donné. Dans le chapitre 12, nous appliquons le modèle complet de la dynamique de la dengue pour simuler une épidémie sur la commune d'Iracoubo et discutons les résultats obtenus par rapport à l'étude descriptive de l'épidémie présentée dans la partie 2.

Chapitre 10

Estimation des paramètres du modèle - cas de la dengue en Guyane

Dans ce chapitre, nous montrons comment les différents paramètres du modèle, pour le cas particulier de la dengue en Guyane, peuvent être définis à partir de différentes données disponibles : données météorologiques, images de télédétection, connaissances des paramètres entomologiques et épidémiologiques.

1 Introduction

Le modèle de la dynamique d'une maladie vectorielle comme la dengue détaillé dans la partie 3 a permis d'illustrer la complexité des processus de transmission tout en restant très général. Il présente un grand nombre de paramètres qui doivent être déterminés (Equation 8.1, Tableaux 6.1 et 8.1). Pour cela, différentes sources d'information ont été citées pour le cas général (cf. chapitre 7). D'autre part, pour le cas particulier de la dengue, les paramètres environnementaux déterminants pour la dynamique de la maladie avaient été listés dans le chapitre 3 (§2).

Dans ce chapitre nous essayons de montrer de manière concrète comment les paramètres du modèle que l'on souhaite appliquer au cas de la dengue en Guyane peuvent être estimés à partir principalement de données de télédétection, de données météorologiques et des connaissances entomologiques et épidémiologiques disponibles sur l'écologie du vecteur et la transmission de la dengue. Le tableau 10.1 (page suivante) résume les différents paramètres à définir et la source d'information correspondante.

Dans les sections suivantes, le détail du calcul -ou de l'estimation- de ces paramètres est donné, classé ici en fonction des différentes sources d'information. Nous verrons qu'en réalité, l'effet de certains phénomènes n'est pas toujours quantifiable (par exemple l'effet de la température sur la survie des *Aedes*, ou l'effet du vent sur le transport des moustiques), par manque de données pour notre cas précis ; aussi, une valeur moyenne doit être estimée, soit d'après des valeurs de la littérature, soit de manière approximative.

Cette remarque est importante car l'utilisation du modèle sera différente selon que l'on a une estimation probabiliste ou exacte des paramètres. Dans notre cas, compte tenu du nombre d'incertitudes, le modèle sera appliqué par la suite pour

Paramètre du modèle à définir		Description pour le cas de la dengue	Sources de données			
			<i>Tél.</i> [*]	<i>Mét.</i> [†]	<i>Exp.</i> [‡]	<i>Sur.</i> [§]
Param. liés à la diffusion des vecteurs	D_R	Influence du paysage (végétation, sols nus, habitations, eau) sur le flux des insectes	§2.1			
	\vec{W}	Vent		§3.1		
	D_W	Influence du paysage sur le vent	§2.1			
	H	Champ d'attraction (populations humaines)	§2.2			
	K_H	Coefficient d'attraction	§2.2			
	$\alpha(\Omega)$	Localisation des gîtes larvaires	§2.3			§5.1
	$\alpha(t)$	Activités des gîtes		§3.2	§4.1	
	β	Taux de mortalité		§3.2	§4.2	
Param. liés à la transmission de la dengue	τ_{EIP}	Durée de la période d'incubation extrinsèque		§3.2	§4.3	
	τ_{IIP}	Durée de la période d'incubation intrinsèque			§4.3	
	τ_V	Durée de la période de virémie			§4.3	
	τ_E	Durée de développement du moustique		§3.2	§4.4	
	C_{VH}	Probabilité de transmission du vecteur à l'hôte			§4.5	
	C_{HV}	Probabilité de transmission de l'hôte au vecteur			§4.5	
	C_{VV}	Probabilité de transmission verticale			§4.5	
	N_B	Nombre de piqure par vecteur et par jour		§3.2	§4.6	
	H_S^0	Susceptibilité initiale des populations				§5.2
	H_V^0	Premiers cas de dengue				§5.2

^{*}Données de télédétection

[†]Données météorologiques

[‡]Expertise : connaissances de l'écologie d'*Aedes aegypti* et des caractéristiques de la transmission

[§]Surveillance épidémiologique

TAB. 10.1 – Résumé des paramètres du modèle à définir pour la modélisation de la dengue

simuler, non pas une situation réelle, mais une situation plausible : l'estimation des paramètres ici permet d'améliorer le réalisme des simulations plutôt que d'effectuer un suivi exact.

Les exemples donnés dans ce chapitre seront utilisés ultérieurement pour simuler la diffusion des insectes dans différents cas (chapitre 11) et la dynamique d'une épidémie de dengue (chapitre 12).

2 Paramètres extraits des données de télédétection

Le calcul de certains paramètres sur lesquels reposent l'équation de diffusion des insectes à partir de données de télédétection a été présenté dans le chapitre 7 avec des exemples pour la dengue. Il s'agit des tenseurs 2x2 D_R et D_W et des paramètres liés aux forces d'attraction (H et K_H).

D'autre part, pour le cas de la dengue, des images de télédétection peuvent également être utilisées pour la cartographie des gîtes larvaires dont dépend le terme source $\alpha(\Omega)$.

2.1 Calcul des tenseurs D_R et D_W

La méthode pour le calcul des tenseurs de rugosité D_R et de vent D_W , basée sur les données de télédétection, a été détaillée dans le chapitre 7. Cependant cette méthode n'a pas pu être appliquée pour l'ensemble des exemples de la partie "Applications", aussi nous utiliserons ici simplement des valeurs moyennes réalistes par classe pour les coefficients k_R et k_W (Eq. 7.4 et 7.5), en considérant qu'il n'y a pas d'effet directionnel (tenseurs diagonaux).

Le tableau 10.2 donne les valeurs des coefficients des tenseurs de rugosité et de vent qui seront utilisées par la suite.

Occupation du sol*	k_R	k_W
Zone d'habitation	1	0,2
Sols nus	0,2	1
Végétation (forêt, zones herbacées)	0,7	0,5
Eau libre	0	1

*Pour la végétation, le LAI moyen sur la classe forêt de la zone d'Iracoubo est de 5,67, ce qui correspond d'après la figure (7.7) à une valeur pour k_W sur la végétation de 0,5.

Les autres coefficients sont choisis d'après les considérations précédentes sur l'effet des différents types de paysage sur le vol des *Aedes*.

TAB. 10.2 – Valeurs des coefficients k_R et k_W pour différentes classes d'occupation du sol.

2.2 Forces d'attraction (H et K_H)

De la même manière, le calcul des paramètres liés aux forces d'attraction, dues à la présence humaine pour le cas des vecteurs de la dengue, a été développé dans le chapitre 7. Ce calcul est basé sur la détection des zones d'habitations à partir de la classification d'une image multispectrale ou de photographies aériennes.

Remarque : cette opération permet également d'estimer un indice de densité de bâti qui servira par la suite (§2.3).

2.3 Localisation des gîtes larvaires ($\alpha(\Omega)$)

Le terme source $\alpha(\Omega, t)$ est séparé en deux composantes : d'une part, la localisation des gîtes larvaires $\alpha(\Omega)$ qui en Guyane varie peu dans le temps (d'après des relevés de terrain du SDD¹), et d'autre part l'activité de ces gîtes $\alpha(t)$ qui elle dépend du temps t (§4.1). La distribution spatiale des sources $\alpha(\Omega)$ peut être estimée soit en utilisant des relevés de terrain (§5.1), soit, dans le cas où ces relevés ne sont

¹Service Départemental de Désinfection

pas disponibles partout, en utilisant des données de télédétection. C'est ce que nous allons détailler ici.

Répartition des gîtes larvaires et type d'habitat

Comme cela a été évoqué au chapitre 3, le type d'habitat reflète les pratiques socio-culturelles des populations et peut donc constituer un indicateur lié au nombre et au type de gîtes larvaires. Afin de préciser ce lien pour le cas de la Guyane, nous avons utilisé des données de terrain du SDD.

Le SDD, service chargé de la lutte anti-vectorielle en Guyane, effectue un contrôle régulier des populations larvaires : l'action des agents consiste à visiter toutes les maisons pour éliminer les gîtes larvaires (positifs ou potentiels), et à noter sur une fiche de visite, pour chaque maison visitée, le nombre, la nature des gîtes (fûts, pneus, plantes vertes, détritiques, autres) et leur "positivité" (présence d'*Aedes aegypti* ou non). Ces relevés montrent que selon le type de quartier, l'abondance des gîtes (mesurée par le nombre de gîtes par maison visitée) varie. Un exemple est donné pour l'Île de Cayenne dans le tableau 10.3. Cette répartition change peu au cours du temps : bien que tous les gîtes soient éliminés lors d'une visite, le même type de gîtes est retrouvé à la visite suivante.

Type de quartier	Abondance	Nombre de gîtes positifs par logement visité [min - max]	Nature des gîtes
Habitat individuel diffus et dispersé	Forte	[0,21 - 0,31]	Plantes vertes, fûts, détritiques
Habitat spontané*	Forte	[0,23 - 0,40]	Fûts
Habitat mixte†	Forte	[0,31 - 0,34]	Détritiques, plantes vertes
Habitat individuel dense	Moyenne	[0,16 - 0,20]	Plantes vertes, fûts, détritiques
Centre-ville	Moyenne	[0,15 - 0,24]	Plantes vertes, détritiques
Habitat collectif	Très faible	[0 - 0,02]	Plantes vertes

*regroupe les types d'habitats informels : de maisons non terminées mais habitées à des espaces bidonvillisés

†constitué de zones résidentielles denses et d'habitat spontané

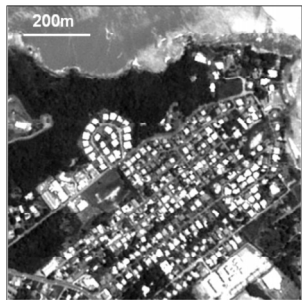
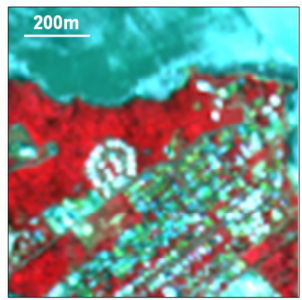
TAB. 10.3 – Type de quartiers et relevés entomologiques du SDD sur la région de Cayenne (17 secteurs, années 1999, 2000, 2001, 2002)

Type d'habitat et télédétection

Compte tenu de la taille des récipients dans lesquels les moustiques femelles *Aedes aegypti* pondent leurs oeufs, les données de télédétection, même à très haute résolution spatiale, ne permettent pas de détecter directement les gîtes larvaires (cf. Chapitre 3, §3.1) [Moloney *et al.*, 1998]. Par-contre, suite aux conclusions précédentes, des données de télédétection à haute résolution spatiale peuvent être utilisées

pour cartographier le type d'habitat et ainsi, de manière indirecte, l'abondance des gîtes ($\alpha(\Omega)$).

Nous donnons un exemple sur l'Île de Cayenne qui présente un grand nombre de quartiers différents : une image SPOT-5 (mode Panchromatique à 2,5 mètres et multispectral à 10 mètres) acquise le 29/08/2003 sur Cayenne a été utilisée pour cartographier différents types de quartiers. Les caractéristiques de l'image sont données dans le tableau 10.4.

Mode	Taille de pixel	Longueur d'onde	Extrait
Panchromatique (P)	2,5 m	0,48 - 0,71 μm	
Multispectral (Xi)	10 m	0,50 - 0,59 μm 0,61 - 0,68 μm 0,78 - 0,89 μm 1,58 - 1,75 μm	

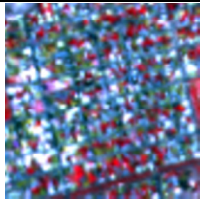
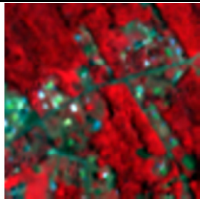

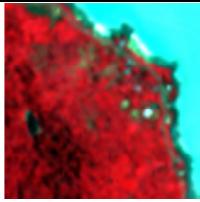
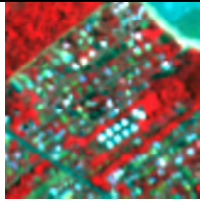
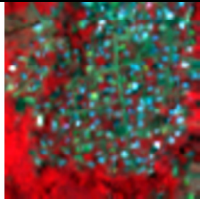
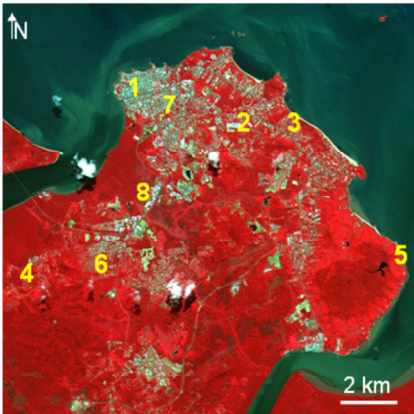
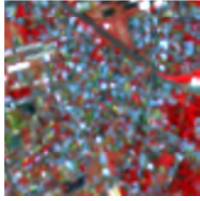
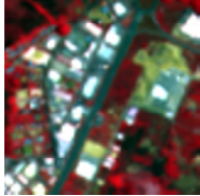
TAB. 10.4 – Caractéristiques d'une image SPOT-5 et extraits sur Cayenne (image du 29/08/2003. Programme ISIS, copyright : CNES (2003), distribution Spotimage).

Typologie de l'habitat La typologie choisie reflète les thèmes urbains adaptés aux types de morphologie urbaine rencontrés dans la région de Cayenne (tableau 10.5).

Classification de l'image La méthode proposée ici allie des traitements d'image classiques et des phases d'intervention de l'utilisateur nécessaires pour l'interprétation du paysage urbain : il s'agit d'opérations d'expertise visuelle, améliorée par l'utilisation d'outils de traitement d'image.

Prétraitements : Les images ont été recalées par rapport aux cartes IGN 1 :25 000 qui ont servi de référence cartographique (projection Guyane CSG 67).

Détection de la "tache urbaine" (SPOT XS - 10 m) La classification en peu de classes de l'image SPOT à partir des quatre bandes spectrales permet de détecter la "tache urbaine" (cf. chapitre 7 § 3.1). Les différents types de quartiers seront discriminés uniquement sur cette zone qui regroupe le bâti et les sols nus.

Typologie	Extrait SPOT5 (1km x 1km)	Densité de bâti	Typologie	Extrait SPOT5 (1km x 1km)	Densité de bâti
(1) centre ancien		forte	(4) habitat individuel diffus		faible
(2) habitat collectif		forte	(5) habitat dispersé		très faible
(3) habitat individuel dense		moyenne	(6) habitat spontané dense*		moyenne
			(7) habitat mixte†		forte
			(8) grands équipements, zones industrielles		forte

*regroupe les types d'habitats informels

†constitué de zones résidentielles denses et d'habitat spontané

TAB. 10.5 – Typologie de l'habitat sur la région de Cayenne (d'après [Gardel, 2000]).

Première classification sur le critère de la densité du bâti La cartographie d'un indice de densité de bâti décrit précédemment (§2.2) permet d'effectuer par seuillage une première classification selon la densité du bâti. En effet, les classes que nous cherchons à discriminer correspondent à des densités de bâti différentes (tableau 10.5).

Détection de différentes tailles de bâtiments (SPOT PAN - 2.5 m) La détection des bâtiments est effectuée par morphologie mathématique (figure 10.1). Cette méthode consiste à comparer les objets que l'on veut analyser à un autre objet de forme connue, appelé élément structurant. Les paramètres dont on tient compte sont la forme, le contraste, la couleur et la disposition des objets dans l'image

[Bonn et Rochon, 1992]. Cette technique permet en particulier d'extraire les bâtiments en fonction de leur taille et donc de séparer les grands bâtiments des maisons individuelles [Gardel, 2000].

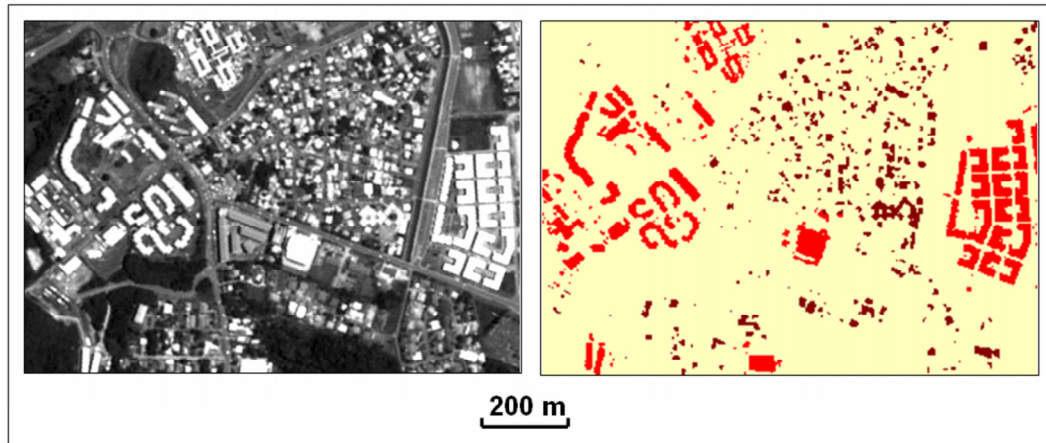


FIG. 10.1 – Détection des bâtiments par morphologie mathématique à partir de l'image SPOT Panchromatique (extrait de l'image).

Intervention de l'utilisateur L'interprétation de l'image par l'utilisateur est nécessaire pour discriminer d'une part les zones d'habitat spontané des zones d'habitat planifié, et d'autre part pour séparer la classe "centre-ville" des zones d'habitat mixte (figure 10.2). En effet, les réponses spectrales de ces classes sont trop proches pour pouvoir être discriminées de manière automatique.

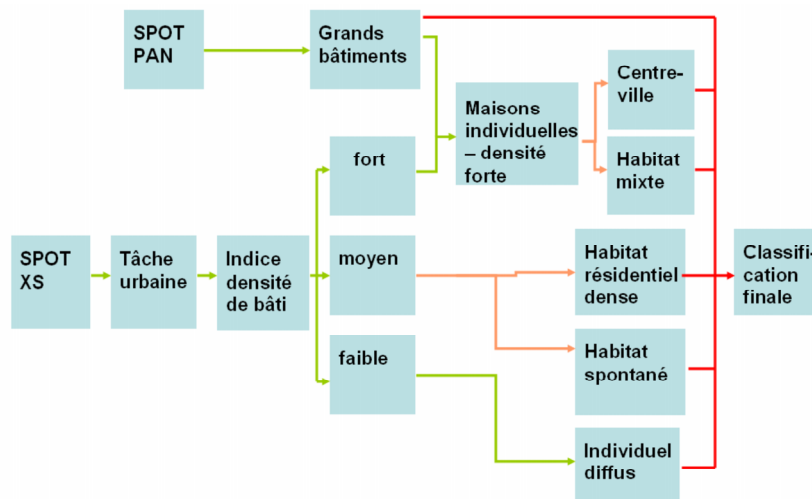


FIG. 10.2 – Schéma de classification de différents types d'habitat à partir d'une image SPOT-5 sur la région de Cayenne.

La voirie est un bon indicateur du type d'habitat [Gardel, 2000]. En effet, l'habitat résidentiel et du centre ville ancien se distingue par une voirie rectiligne et

orthogonale contrairement à celle des aires d'habitat spontané et d'habitat mixte, où la voirie a un tracé sinueux et par ailleurs souvent en latérite. Deux critères principaux concernant la voirie ont donc été utilisés : la structure géométrique et la nature du revêtement (bitume ou latérite). Il s'agit d'une opération visuelle.

Classification finale Elle est obtenue en "compilant" les différentes couches correspondant aux types d'habitat (figure 10.3).

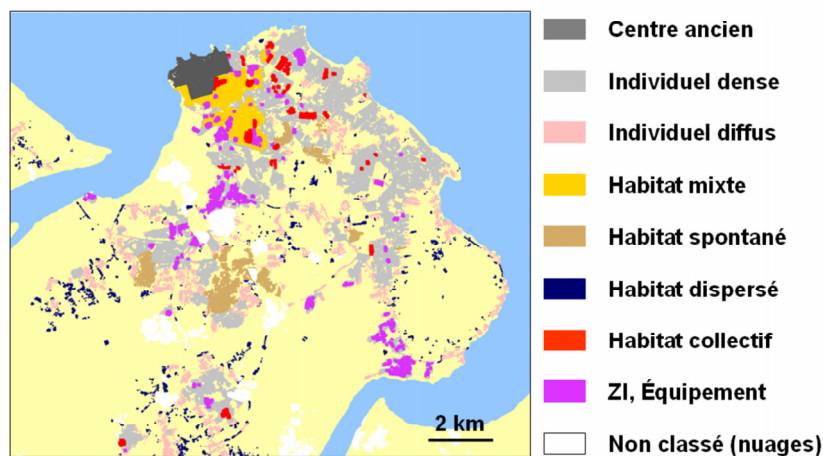


FIG. 10.3 – Classification du type d'habitat à partir d'une scène SPOT-5. Île de Cayenne, 2003.

Une évaluation de la classification est effectuée par comparaison des résultats avec une carte "vérité de terrain" établie par photo-interprétation. À partir de la matrice de confusion², un taux de bonne classification³ de 71,4 % et un taux moyen de bonne classification⁴ de 66,2 % sont calculés.

Les erreurs sont principalement des erreurs de classement de densités de bâti (qui peuvent entraîner une sous-estimation du nombre de gîtes).

Carte des gîtes larvaires L'image résultant de la détection des bâtiments à partir de l'image Panchromatique (figure 10.1) est rééchantillonnée à 20 mètres (taille de pixel choisie pour décrire le processus de diffusion), par la méthode du plus proche voisin (cette méthode d'interpolation permet de conserver une image binaire avec les pixels "bâtiments" prenant la valeur 1 et les autres la valeur 0).

La carte des gîtes est alors obtenue en attribuant à chaque pixel "bâtiment", en fonction de sa classe (habitat collectif, habitat résidentiel dense, habitat résidentiel

²Cette matrice permet d'effectuer une comparaison entre la "vérité terrain" d'une part et les résultats obtenus par la classification d'autre part. Les lignes correspondent aux classes de la "vérité terrain" et les colonnes aux classes attribuées par la classification ; chaque élément $M(i, j)$ de la matrice est le nombre de pixels dans l'image dont la classe est i en vérité mais qui a été classé j par la classification. Les éléments diagonaux de la matrice sont les pixels correctement classés.

³Ce taux est égal au rapport entre le nombre de pixels bien classés et le nombre total de pixels de l'image.

⁴Ce taux est égal à la moyenne des taux de bonne classification calculés pour chaque classe.

diffus, habitat spontané, habitat mixte, centre-ville), le nombre de gîte correspondant (valeurs données dans le Tableau 10.3).

3 Données météorologiques

Des relevés quotidiens ou mensuels de paramètres comme la température, l'humidité, les précipitations, peuvent être acquis auprès de services météorologiques comme Météo France. Ces paramètres jouent tous un rôle sur le comportement du vecteur et la transmission (cf. chapitre 3), mais ce rôle n'est pas toujours bien quantifié. Excepté le rôle du vent sur le transport, les principaux paramètres du modèle liés à ces mesures sont les paramètres concernant l'écologie d'*Aedes aegypti* et ceux liés à la transmission, dont l'estimation est donnée dans le paragraphe suivant (§4).

3.1 Vent (W)

La Guyane est ventilée par des flux d'Est/Nord-Est en saison de pluies et d'Est/Sud-Est en saison sèche (cf. chapitre 4). Les vents sont faibles à modérés soit entre 5 et 15 km/h, constants tout au long de l'année [Groussin, 2001].

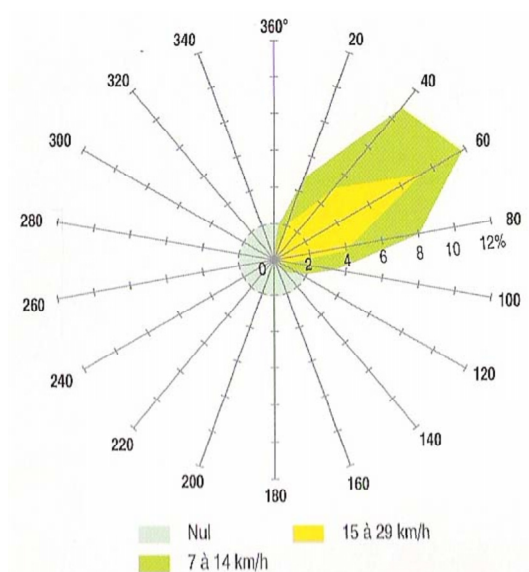


FIG. 10.4 – Fréquence des vents à Rochambeau en janvier (moyenne 1991/2000) en fonction de leur provenance en %. Extrait de [Groussin, 2001].

Si l'influence du vent comme transport passif des moustiques est généralement reconnu il est rarement quantifié. Clements (1963) indique cependant que les moustiques *Aedes* sont capables de se maintenir pour des vents allant jusqu'à 150 cm/sec (soit 5,4 km/h). Aussi, les coefficients du tenseur de vent sont calculés de manière approximative en gardant des ordres de grandeur réalistes (chapitre 7).

Dans les applications sur Iracoubo et Cayenne, le vent est donc choisi constant, avec une direction et une intensité conformes aux roses des vents pour la Guyane

(figure 10.4) et avec une valeur nulle dans les habitations où les moustiques sont protégés.

3.2 Autres données

Comme nous l'avons déjà souligné, les facteurs météorologiques comme la température, l'humidité et les précipitations influent sur différents paramètres de la transmission de la dengue, mais nous manquons de données pour quantifier précisément ce lien. Aussi nous présentons ici brièvement le type des données, leurs caractéristiques sur la Guyane (globalement, le climat équatorial humide et relativement stable de la Guyane peut être considéré comme toujours favorable à la transmission de la dengue) et les paramètres du modèles qui y sont reliés.

Température

De la température dépendent la survie (et donc le terme β) et le nombre de piqûres par moustique (N_B), qui augmentent avec la température, ainsi que la durée d'incubation extrinsèque (τ_{EIP}) et la durée de développement des larves (τ_E) qui, eux, diminuent [Watts *et al.*, 1987] [Jetten et Focks, 1997].

A conditions que ces relations soient précisées, ces paramètres du modèle pourraient être calculés en fonction des courbes de températures (Fig. 10.5) ; dans notre cas, nous vérifions simplement que les gammes de température correspondent aux valeurs décrites dans la littérature (§4).

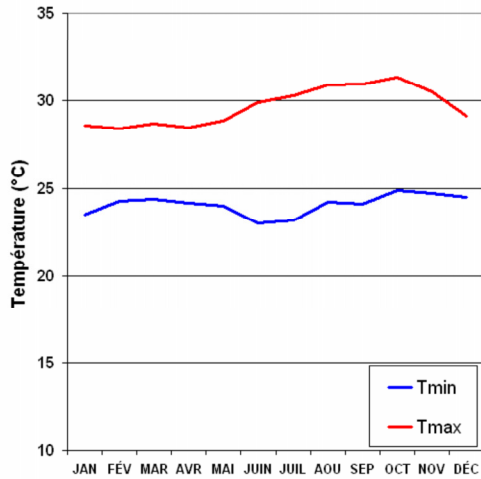


FIG. 10.5 – Températures (moyennes mensuelles des températures minimale et maximale) mesurées à Cayenne en 2000 (Source : Meteo France).

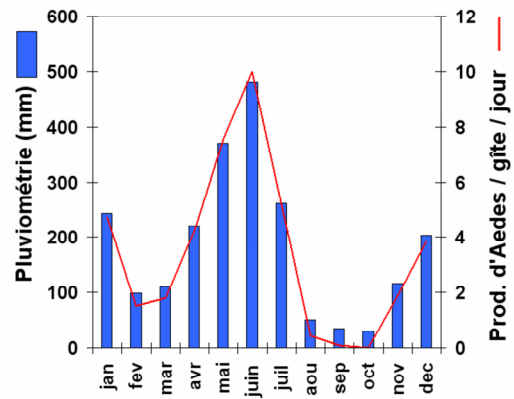


FIG. 10.6 – Pluviométrie mensuelle (Source : Meteo France) et production par gîte estimée $\alpha(t)$. Iracoubo, 2001.

Humidité

L'humidité semble être toujours propice à la propagation de l'épidémie, avec des taux d'humidité relative moyenne très élevés (entre 80 et 90 % selon la saison) qui favorisent la survie des vecteurs. Le terme β sera donc choisi constant, d'après les données de la littérature (voir §4.2).

Précipitations

En Guyane, des études entomologiques menées par l'Institut Pasteur montrent que les gîtes larvaires se trouvent à l'extérieur des maisons dans plus de 90 % des cas⁵ [Fouque, 1994] : les pluies influencent donc fortement l'activité des gîtes, c'est-à-dire le terme $\alpha(t)$ (cf. chapitre 3). D'autre part, des pluies trop fortes sont défavorables à la survie des *Aedes* (terme β).

A partir de relevés de terrain pour estimer la variation des gîtes larvaires (§4.1), la variation du terme $\alpha(t)$ pour le cas d'Iracoubo a été estimé en fonction de la pluviométrie (figure 10.6).

4 Connaissances de l'écologie d'*Aedes aegypti* et des caractéristiques de la transmission

Dans ce paragraphe les différents paramètres entomologiques, qu'il est très complexe de quantifier précisément, sont estimés sur la base de discussions avec des entomologistes, et d'exemples de la littérature.

4.1 Variation de la production des gîtes larvaires ($\alpha(t)$)

Il s'agit ici d'estimer un ordre de grandeur pour la production des gîtes larvaires ; la production exacte d'un gîte est difficile à estimer étant donné que la superficie des gîtes est variable, que plusieurs femelles peuvent pondre dans le même gîte et qu'une femelle peut pondre ses oeufs dans plusieurs gîtes différents.

D'après des relevés effectués par des équipes de l'institut Pasteur, le nombre moyen d'oeufs par gîtes peut varier, selon le gîte et l'endroit, entre 0 et 112 oeufs [Fouque, 1994] ; parmi ces oeufs, environ 60 % éclore sur environ 5 jours, ce qui implique une variabilité allant de **0 à 13** émergences par gîte et par jour. Cet ordre de grandeur pour la production des gîtes peut servir à moduler l'activité des gîtes en fonction de la pluviométrie comme dans l'exemple de la figure 10.6 (nous ne disposons pas actuellement de données précises sur le lien existant en Guyane entre la pluviométrie et les variations du nombre d'émergences par gîte).

D'autre part, les traitements contre les populations larvaires peuvent être simulés en "éteignant" les sources, c'est-à-dire en réduisant l'activité des sources. Dans les simulations sur Cayenne et Iracoubo (Chapitre 11), on aura $\alpha(t) = 0$ pour t inclus dans la période de démoustication.

⁵Les gîtes les plus couramment rencontrés sont les petits récipients extérieurs, les soucoupes de plantes et vases à fleurs, et les grands récipients extérieurs comme les fûts pour le stockage d'eau.

4.2 Mortalité ($\beta(\rho, \Omega, t)$)

Le taux de mortalité peut être estimé par des techniques de captures, marquages, lâchers et recaptures. De telles expériences ont pu être menées en Guyane par l'IPG [Fouque, 2002] pour estimer la survie des vecteurs, avec des résultats très variables. Nous considérons donc pour le moment simplement les valeurs moyennes données par la littérature :

Mortalité naturelle

Des mesures sur des populations d'*Aedes aegypti* ont permis d'estimer un taux journalier de mortalité naturelle de l'ordre de 20 % pour les femelles [McDonald, 1977] [Trpis et Hausermann, 1986]. Les influences de la température, des précipitation et de l'humidité ne sont pas connues de manière précise, et il est possible que leurs effets s'annulent (les fortes températures augmentent la survie -en saison sèche- mais correspondent souvent à des faibles taux d'humidité qui, eux, la diminuent), aussi c'est cette valeur moyenne que nous choisissons (avec ici le jour comme unité de temps) :

$$\beta(\rho, \Omega, t) = 0,2 \cdot \rho(\Omega, t).$$

Efficacité des traitements

L'efficacité des traitements peut être évaluée par des tests en laboratoire ou des séries de captures sur les populations d'*Aedes* avant et après un traitement insecticide.

En Guyane, le malathion est utilisé par pulvérisation ULV en routine à partir de camions. Ce produit présente 100 % d'efficacité en laboratoire, cependant des études de terrain menées par l'Institut Pasteur ont montré qu'avec cette méthode l'insecticide n'atteignait pas toujours les moustiques à l'intérieur des maisons.

Par la suite (exemples de simulations sur Iracoubo et Cayenne) une efficacité moyenne de 70 % sera estimée. Le terme β devient : $\beta(\rho, \Omega, t) = 0,7 \cdot \rho(\Omega, t)$ pour Ω et t dans la zone et la période des traitements insecticides. Le rayon d'action de la pulvérisation ULV étant estimé à 200 mètres, l'utilisation des fonctionnalités du SIG permet, à partir du tracé des routes, de délimiter les zones d'action du produit (création d'un "buffer" autour des routes). En première approximation, dans ces zones, le terme puits prendra la valeur $\beta(\rho, \Omega, t) = 0,7 \cdot \rho(\Omega, t)$ tandis qu'ailleurs on aura $\beta(\rho, \Omega, t) = 0,2 \cdot \rho(\Omega, t)$ (mortalité naturelle). Cette variation de β pourrait également être modulée en fonction de la distance à la route.

4.3 Durées d'incubation (τ_{EIP} , τ_{IIP} , τ_{VV})

Toujours d'après la littérature, la durée d'incubation extrinsèque (τ_{EIP}) varie en fonction de la température [Watts *et al.*, 1987]. Dans les modèles la moyenne de **10 jours** est généralement choisie [Newton et Reiter, 1992].

La durée de l'incubation intrinsèque (τ_{IIP}) varie davantage (cf. Chapitre 3), elle est en général comprise entre 4 et 7 jours. Par la suite nous la choisirons égale à **5 jours**.

Enfin pour la durée de virémie τ_{VV} les auteurs s'accordent sur la durée de **4 jours**.

4.4 Durée de développement du moustique (τ_E)

Elle peut aller en général de 5 jours à plusieurs semaines avec une forte dépendance à la température. En Guyane, les températures élevées et constantes tout au long de l'année entraînent un développement court des larves. La valeur moyenne $\tau_E = \mathbf{10\ jours}$ est choisie.

4.5 Taux de transmission ($\tau_{HV}, \tau_{VH}, \tau_{VV}$)

La variation de la virulence des virus et celle de la susceptibilité des vecteurs à ces virus modifient les taux de transmission du virus (ou probabilités de transmission) de l'hôte au vecteur (C_{HV}) et du vecteur à l'hôte (C_{VH}). Une valeur moyenne de **0,75** est généralement choisie [Watts *et al.*, 1987] [Newton et Reiter, 1992] (on estime qu'une piqûre sera infectante, dans le sens hôte-vecteur ou vecteur-hôte, dans 75 % des cas).

La transmission verticale est en général soit négligée, soit prise en compte avec un taux de transmission (C_{VV}) très faible (de l'ordre de 0,003) ou nul, mais des études menées par l'IPG sur les taux d'infection des populations de larves et de nymphes montrent que la transmission verticale des virus de la dengue existe en conditions naturelles en Guyane, avec un taux d'infection de 1 pour 1277 [Fouque, 1994], valeur dix fois plus élevée que ce qui est habituellement décrit. La valeur choisie pour (C_{VV}) en Guyane est donc **0,03**.

4.6 Nombre de piqûres (N_B)

Le vecteur *Aedes aegypti* peut piquer plusieurs fois par cycle gonotrophique (dont la durée est estimée à 3 jours), mais ce nombre de fois est difficile à évaluer. Par la suite nous prenons la valeur moyenne de **1** piqûre par jour [Newton et Reiter, 1992] : $N_B = 1$.

5 Paramètres issus de la surveillance de la dengue

5.1 Localisation des sources ($\alpha(\Omega)$) par des relevés de terrain

Le rôle de la surveillance des populations d'*Aedes* assurée par les services de démoustication a été évoqué dans les paragraphes précédents (§2.3 et §4.1). En effet, les relevés de terrain effectués permettent d'établir des cartes des gîtes (terme source $\alpha(\Omega)$).

Nous donnons un exemple sur Iracoubo. Les fiches de relevés du SDD sur la période mai-juin 2001 concernant la localisation des gîtes larvaires (plusieurs passages répartis sur la période du 21 mai au 10 juin pour Iracoubo même, du 25 juin au 1er juillet pour Bellevue) contiennent, pour chaque maison visitée, le nombre de gîtes positifs à *Aedes aegypti*. Les maisons sont identifiées par l'adresse ou le nom du propriétaire.

A partir de ces fiches, après enquête sur le terrain pour localiser les maisons par GPS, nous avons intégré toutes les données dans le SIG sur Iracoubo (figure 10.7) et généré une carte de la distribution des gîtes avec les mêmes caractéristiques que l'image de la zone d'étude, en attribuant à chaque pixel de l'image le nombre de gîtes inclus dans ce pixel.



FIG. 10.7 – Distribution des gîtes larvaires, Iracoubo, 2001 (Source : Service Départemental de Désinfection).

5.2 Conditions initiales

Les conditions initiales pour le modèle de la dynamique de la dengue sont la densité de personnes susceptibles H_S^0 et celle des personnes infectantes H_V^0 .

Densité initiale de personnes infectantes (H_V^0)

Dans notre cas, où compte tenu du nombre d'incertitudes le modèle est destiné davantage à simuler des situations plausibles qu'un suivi réel, le paramètre initial H_V^0 , la densité de personnes malades à $t=0$, sera fixée de manière arbitraire pour tester différentes situations. Une simulation plus réaliste pourrait être basée sur le recueil des données épidémiologiques d'après la déclaration des cas par les médecins.

Densité initiale de personnes susceptibles (H_S^0)

Le nombre initial de personnes susceptibles dans une région dépend de "l'histoire" de la circulation de la dengue dans cette région : dans les zones où le virus a déjà beaucoup circulé les personnes seront majoritairement déjà immunisées (H_S^0 proche de la densité de population totale). L'immunité de la population est modifiée au cours du temps en raison de la mobilité géographique des personnes (par

exemple, arrivée de personnes non immunisées) et du taux d'accroissement naturel de la population (naissance de nouvelles générations non immunisées).

Nous proposons ici une méthode pour estimer la susceptibilité des populations en fonction de ces différents facteurs. Un exemple est donné pour les communes de Guyane.

Remarques : Les quatre sérotypes de dengue (dengue-1, dengue-2, dengue-3, dengue-4) ne présentent pas d'immunité croisée, c'est-à-dire qu'après une première infection, une personne sera immunisée contre le sérotype responsable de la première infection mais non contre les trois autres sérotypes. Il faut donc effectuer une étude séparée pour chaque sérotype. D'autre part il faut noter qu'une estimation de la susceptibilité de la population ne peut pas être obtenue par une enquête de sérologie, car il n'existe pas de sérologie spécifique à chaque sérotype de dengue.

Estimation de la susceptibilité des populations Pour chaque commune et pour chaque sérotype, un indice de susceptibilité (et un indice d'immunité, son complémentaire) est défini par :

$$i_{\text{susceptibilité}} = 1 - i_{\text{immunité}} = (1 - i_{\text{incidence}}) \cdot i_{\text{temps}} \cdot i_{\text{mobilité}} \cdot i_{\text{jeunesse}}$$

Les indices $i_{\text{incidence}}$, i_{temps} , $i_{\text{mobilité}}$ et i_{jeunesse} sont des indices normalisés calculés à partir des données sur les cas fournies par l'Institut Pasteur pour la période 1992-2003 (cf. Chapitre 4) et de données sur l'âge et la mobilité des populations fournies par l'INSEE (Institut National de la Statistique et des Etudes Économiques) :

- $i_{\text{incidence}}$ est le taux d'incidence pour chaque sérotype pour la période 1992-2003 : nombre total de cas confirmés entre 1992 et 2003, ramené à la population ;
- i_{temps} est le temps écoulé depuis la dernière vague épidémique, pour chaque sérotype divisé par le temps total de l'étude (indice normalisé) ;
- $i_{\text{mobilité}}$ est un indice de mobilité géographique de la population (part des personnes dont le lieu de résidence a changé de commune entre les recensements de population de 1990 et 1999) ;
- i_{jeunesse} est un indice de jeunesse de la population (part des personnes âgées de moins de 15 ans).

Les cartes obtenues (figure 10.8) présentent un état des lieux de l'immunité de la population par rapport aux quatre sérotypes de dengue.

Ainsi, les fortes valeurs de l'incidence initiale peuvent être atténuées par une forte mobilité géographique (cas de la ville de Kourou par exemple, qui connaît une forte mobilité de population liée aux activités du centre spatial) ou par le facteur "jeunesse" (naissance de nouvelles générations non immunisées) (cas de la ville de St-Laurent).

Calcul de H_S^0 Une estimation de H_S^0 est obtenue en multipliant les valeurs de H et celle de l'indice de susceptibilité, et ce pour les quatre sérotypes.

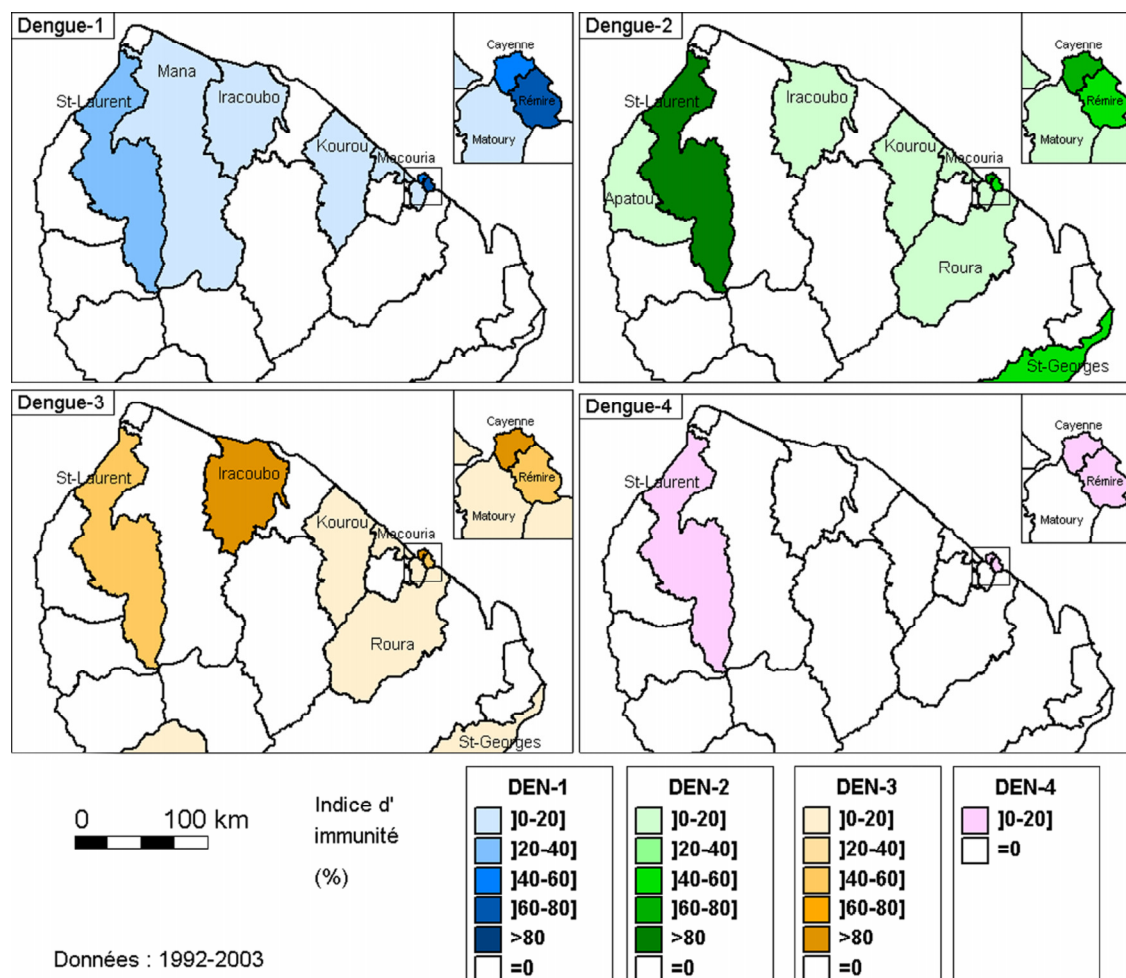


FIG. 10.8 – Indice d'immunité des populations par sérotype de dengue en Guyane

Remarques : Indépendamment de leur application pour le modèle, ces cartes d'immunité des populations ont un intérêt pour la surveillance de la dengue car elles permettent une première estimation du risque relatif pour chaque commune en cas de nouvelle épidémie, et donc d'affiner les stratégies de lutte. A titre d'exemple, en 2004 il n'y a *a priori* que peu de risque qu'une épidémie de dengue-3 survienne à Iracoubo, compte tenu de la forte immunité de la population contre ce sérotype ; par contre, une épidémie dengue-1 ou dengue-4 pourrait s'y déclarer comme le suggèrent les résultats de l'analyse temporelle décrite dans le chapitre 4.

6 Conclusion

Les différents paramètres du modèle proposé dans la partie 3 peuvent tous être estimés à partir de sources de données différentes : images de télédétection, sur lesquelles est basée la spatialisation du modèle, données météorologiques, et surtout à partir des connaissances du comportement du vecteur et des caractéristiques de la transmission.

Il s'agit d'une estimation : les connaissances dont on dispose actuellement sur

l'écologie du vecteur et les processus de transmission du virus en conditions naturelles ne permettent pas de quantifier précisément les paramètres du modèle. En particulier, le caractère nouveau introduit par le modèle, à savoir la dimension spatiale de la dynamique des vecteurs de la dengue soulève de nouvelles questions sur l'influence du paysage sur les déplacements des vecteurs, le rôle du vent... Ces paramètres ont donc été estimés ici de manière approximative, de façon toutefois à refléter des ordres de grandeurs réalistes pour les déplacements.

Cette première étape va nous permettre d'appliquer le modèle sur différents exemples.

Chapitre 11

Simulation de la diffusion d'insectes vecteurs

Dans ce chapitre nous appliquons le modèle de diffusion des insectes à des cas différents : la simulation de la dynamique des populations d'Aedes sur la commune d'Iracoubo (section 2) ainsi que sur différents quartiers de l'Île de Cayenne (section 3) et la simulation de la diffusion d'autres insectes vecteurs, les moucheron Culicoides (section 4). Nous proposons une approche pour la validation des résultats, qui permettent ensuite de discuter le caractère générique du modèle de diffusion (section 5).

1 Introduction

Le modèle de la diffusion des insectes développé dans la partie 3 (chapitres 6 et 7) n'a été testé jusqu'ici que pour une simulation destinée à une première validation de la résolution numérique des équations (chapitre 9).

En utilisant les paramètres estimés dans le chapitre 10, nous présentons ici des applications du modèle pour le cas des moustiques vecteurs de la dengue en Guyane. Malgré des difficultés dues au manque de données précises sur la diffusion des *Aedes* en Guyane, les résultats nous permettent de discuter la question de la validation du modèle et les perspectives de son utilisation de manière opérationnelle pour le contrôle de la dengue.

Nous appliquons ensuite le modèle de diffusion au cas des moucheron *Culicoides* dans un milieu rural. En effet, si le modèle a été développé dans le cadre de la thèse pour le cas de la dengue en Guyane, il est nécessaire d'analyser ses possibilités d'application dans un autre contexte. Il peut s'agir de faire varier l'environnement (autre contexte géographique) et/ou l'insecte vecteur et la maladie étudiée (autre contexte épidémiologique).

Pour les simulations nous reprenons les résultats des traitements détaillés dans les chapitres précédents (chapitres 7 et 10). Rappelons que même si des données à haute résolution spatiale ont été utilisées pour le calcul de certains paramètres, finalement, afin de se placer dans la gamme des échelles spatiales appropriées pour décrire un processus de diffusion (cf. chapitre 6), dans chacun des exemples une taille de pixel de 20 mètres est choisie.

2 Simulation de la dynamique des populations d'*Aedes* - Commune d'Iracoubo

2.1 Données du modèle

La commune d'Iracoubo

La situation géographique de la commune Iracoubo a déjà été présentée (cf. Chapitre 5). Il s'agit d'une petite commune (le bourg d'Iracoubo compte 550 habitants), dont l'habitat est constitué de maisons individuelles avec jardin ou cour (figure 11.1), dans lesquels on trouve les gîtes larvaires à *Aedes* (récipients extérieurs) (figure 11.2).



FIG. 11.1 – Photographie aérienne sur Iracoubo ©IGN 2001.



FIG. 11.2 – Exemples de gîtes larvaires extérieurs. Iracoubo, juin 2002.

Estimation des paramètres

Tous les traitements ont été effectués précédemment (chapitre 10). Pour la description du paysage d'Iracoubo, nous avons utilisé des photographies aériennes (clichés IGN, 2001) scannées et géoréférencées (figure 11.1).

Pour la simulation des sources $\alpha(\Omega, t)$, nous utilisons la carte des gîtes larvaires établie d'après les relevés de terrain du SDD (chapitre 10, §5.1) pour avoir une position réaliste des gîtes. On ne connaît pas l'activité exacte des gîtes mais on la simule de manière réaliste en se basant sur les ordres de grandeurs de mesures de terrain (chapitre 10, §4.1).

Les paramètres du modèle de diffusion des moustiques *Aedes* sur Iracoubo sont donnés dans la table (11.1).

Paramètre du modèle	Description	Valeur
D_R	Effet du paysage sur le flux des insectes	Tab. 10.2
D_W \vec{W}	Effet du paysage sur le vent Provenance et intensité du vent	Tab. 10.2 NE-E, 5km/h.
K_H H	Coefficient d'attraction Champ d'attraction	100 Fig.7.10
sources : α puits : β	Localisation des gîtes larvaires Activités des gîtes Mortalité naturelle Traitements insecticides	Fig.10.7 Fig.10.6 $m(\Omega, t)=0,2$ $m(\Omega, t)=0,7$ pour $t \in [60 - 65]$
$\rho_0(\Omega, t)$	Densité d' <i>Aedes</i> initiale	0

TAB. 11.1 – Résumé des paramètres du modèle de diffusion - simulations sur Iracoubo

2.2 Méthode de validation partielle

Nous simulons la dynamique des populations d'*Aedes* sur Iracoubo en résolvant le système (9.1).

Une méthode de validation partielle est proposée en regardant d'une part le rayon de diffusion des moustiques et d'autre part le nombre de moustiques par maison.

Simulation

La dynamique des populations de moustiques *Aedes* est simulée en résolvant le système (9.1). Les figures 11.3 et 11.4 présentent respectivement la répartition des populations en fin de simulation ($t=90$) et l'évolution temporelle de la population totale des *Aedes* (somme sur toute la zone d'étude A).

FIG. 11.3 – Résultat de la simulation sur Iracoubo : distribution spatiale de la probabilité de présence des vecteurs ($t=90$).

Sur la figure 11.3, qui avait été présentée au chapitre 7, les lignes en noir correspondent aux "courbes d'iso-densités" d'*Aedes* qui reflètent la probabilité de présence

des vecteurs. De manière qualitative on peut vérifier simplement que les différents types de paysages modifient l'orientation de la distribution des vecteurs : les "bar-rages" créés par les routes et le fleuves sont respectés, les zones de végétation et d'habitation facilitent les déplacements des vecteurs. De la même manière on vérifie que la présence humaine agit en "attracteur" sur les moustiques, créant des pôles de concentration des fortes densités. En revanche, le vent est trop faible pour avoir un effet visible.

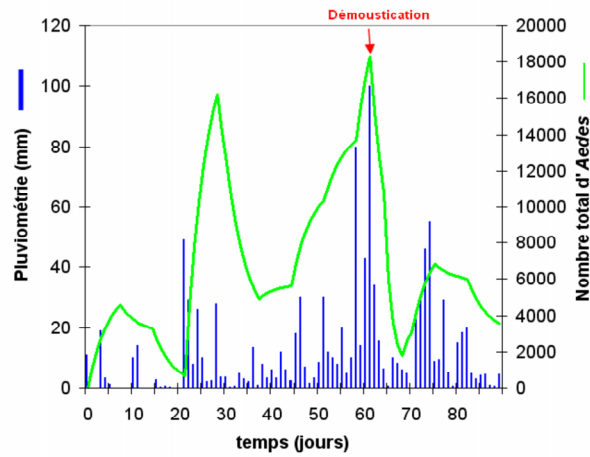


FIG. 11.4 – Résultat de la simulation sur Iracoubo : évolution temporelle de la population totale des moustiques *Aedes* sur Iracoubo (en bleu). La courbe en vert indique les variations de la pluviométrie dont dépend le terme source $\alpha(t)$. La flèche rouge indique la date des actions de démoustication qui modifient les termes source et puits.

La figure 11.4 présente la dynamique temporelle de la population totale d'*Aedes* estimée sur Iracoubo. L'influence des précipitations, dont dépend le terme source $\alpha(t)$, ainsi que l'effet du traitement insecticide et de la destruction des gîtes larvaires (diminution sensible du nombre de moustiques, puis reformation progressive des populations) sont bien marqués.

Temps de calcul Le programme a été écrit sous Mathematica [Wolfram, 2003]; pour donner un ordre de grandeur le temps de calcul est d'environ 33 minutes pour la simulation d'une durée de 90 jours (pas de temps : 1 jour) sur une image de 128 x 128 pixels, pour un processeur à 2,8 GHz avec 768 Mo de RAM.

Validation

Rayon de diffusion En simulant les sources $\alpha(\Omega)$ les unes après les autres (pixels pour lesquels $\alpha(\Omega) \neq 0$), on peut calculer pour chacune d'elle en fin de simulation ($t=90$) son rayon de diffusion défini par la distance moyenne entre le pixel central de la source et les pixels pour lesquels le nombre de moustiques par pixel $\rho(\Omega, 90)$ est supérieur à 1. Le rayon moyen de diffusion mesuré ainsi sur 20 sources est de

85 mètres ce qui correspond à l'ordre de grandeur des valeurs retrouvées dans la littérature [Trpis et Hausermann, 1986].

Nombre de moustiques par maison En sommant $\rho(\Omega, t)$ sur toute la zone d'étude et en divisant par le nombre de maisons (282) on obtient le nombre moyen de moustiques par maison individuelle, dont le maximum sur la durée de l'étude est de 50 moustiques/maison, ce qui correspond aux ordres de grandeurs des valeurs mesurées par l'Institut Pasteur [Fouque, 1994].

2.3 Discussion

Nous ne disposons pas de données sur la distribution des populations d'*Aedes* adultes pour comparer avec les résultats des simulations : il s'agit donc ici d'une validation partielle. Cependant les résultats obtenus sont réalistes (en tout cas conformes aux ordres de grandeurs de la littérature) et correspondent à des relevés de terrain effectués par l'IPG.

Une des sorties du modèle est le calcul du rayon de diffusion, qui varie en fonction de l'hétérogénéité du paysage. Dans le cas d'Iracoubo, la valeur de 85 mètres pour le rayon moyen de diffusion est intéressante car elle correspond à l'ordre de grandeur de la taille des foyers de dengue (cf. chapitre 5). Ainsi, il paraît envisageable d'utiliser le modèle pour décrire la taille des foyers de dengue. Dans le chapitre suivant, nous utiliserons les mêmes paramètres pour la diffusion des populations vectorielles avec le modèle de la dynamique de la dengue décrit dans le chapitre 8 afin de simuler une épidémie.

Le modèle de diffusion des insectes a été ici appliqué sur Iracoubo, dont l'habitat est homogène. Cependant, pour des quartiers présentant des habitats différents (distance entre les maisons, agencement des routes et des zones de végétation), la valeur du rayon de diffusion va varier. Ainsi, le modèle pourrait être utilisé pour simuler cette variation et extraire des informations utiles pour le contrôle des populations vectorielles et celui de la dengue : ceci est discuté dans la section suivante.

3 Simulation de la dynamique des populations d'*Aedes* - Cas de l'Île de Cayenne

Il s'agit ici d'appliquer le modèle de diffusion des insectes afin de simuler la diffusion des populations d'*Aedes* sur différents types de paysages urbains et l'impact d'actions de démoustication. L'objectif est de discuter, à partir des résultats, de l'intérêt du modèle comme outil adapté à la surveillance de la dengue.

3.1 Données du modèle

La région de l'Île de Cayenne

Les principales caractéristiques de l'Île de Cayenne (les communes de Cayenne, Rémire-Montjoly et Matoury) ont déjà été présentées au cours du mémoire (chapitres 4 et 10). Il s'agit du principal centre urbain de Guyane, avec 84 000 habitants

(recensement de 1999), dont les quartiers présentent des caractéristiques différentes (chapitre 10, §2.3).

Estimation des paramètres

Les traitements pour l'estimation des paramètres ont été détaillés précédemment (chapitre 10).

Pour la simulation des sources $\alpha(\Omega, t)$, nous utilisons cette fois la carte des gîtes larvaires établie à partir de la classification du type d'habitat $\alpha(\Omega)$ (chapitre 10, §2.3). Ici la production des sources est supposée constante au cours du temps : $\alpha(\Omega, t) = 10 \cdot \alpha(\Omega)$ émergences / pixel / jour, $\forall t$ (chapitre 10, §4.1).

Pour la simulation de traitements insecticides (à $t=16$ jours), nous définissons la zone d'action de la démoustication à partir du tracé des routes (chapitre 10, §4.2).

Le modèle est testé sur différents types de quartiers (extraits sur des zones de 1x1 km). Pour étudier uniquement l'effet de la rugosité du paysage et des forces d'attraction, qui sera différent en fonction du type de quartier, ici nous négligeons l'effet du vent.

3.2 Simulations

Comme dans la section précédente, l'évolution de la dynamique des populations de moustiques *Aedes* est simulée en résolvant le système (9.1).

Simulations sur différents types de quartiers

La figure 11.5 présente la répartition des populations vectorielles pour différents exemples de quartiers (habitat résidentiel dense, habitat résidentiel dispersé, habitat spontané dense, habitat mixte), avant la démoustication ($t=15$ jours).

Cette première visualisation de la distribution des moustiques sur les différents quartiers, montre que la forme et la taille des "nuages" (correspondant à une probabilité de répartition) diffèrent en fonction du type de quartier.

Par exemple, la taille du nuage pour des zones d'habitat individuel dispersé est plus réduite que le nuage sur les zones d'habitat mixte (figure 11.5). En effet, le paysage et la présence humaine (forces d'attraction) modifient la dynamique spatiale des moustiques qui passeront facilement d'une maison à l'autre dans un quartier où les maisons sont proches et resteront autour d'une unique maison pour le cas de maisons individuelles éloignées les unes des autres.

Calcul du rayon de diffusion A partir de différentes simulations sur les types de quartiers suivants : habitat résidentiel dense, habitat dispersé, habitat spontané dense, habitat mixte, le rayon de diffusion moyen des moustiques défini précédemment (§2.2) est évalué en fonction du type de quartier.

Le tableau (11.2) indique les résultats obtenus. Ces résultats semblent montrer que selon le type de quartier, la distance parcourue par les *Aedes* sera différente, ce qui aurait des implications importantes pour la détermination de la taille des foyers de dengue et les stratégies de lutte. Ceci sera discuté par la suite (§3.3).

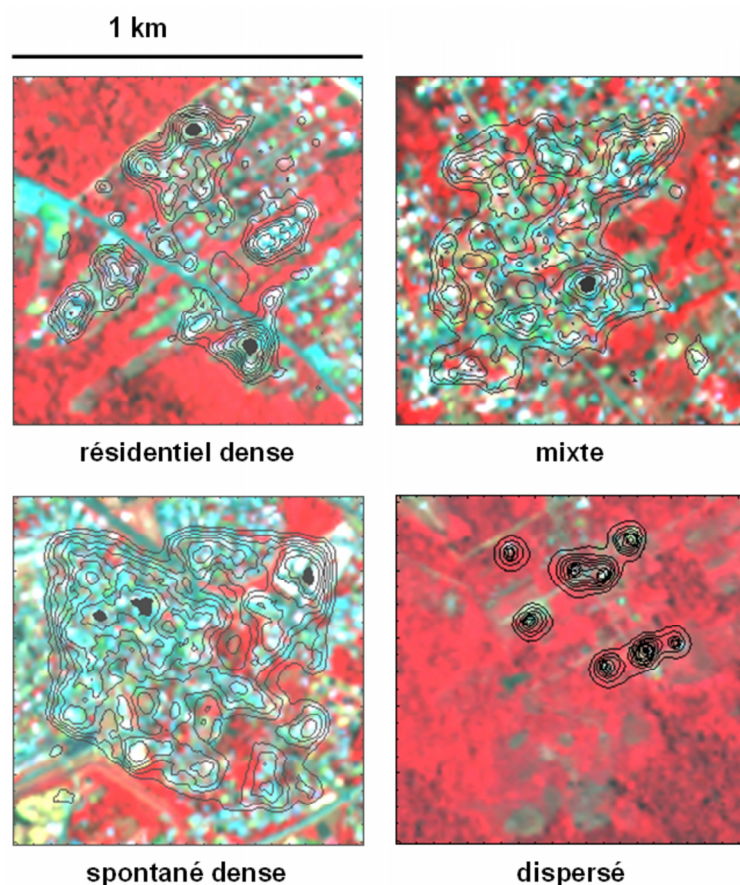


FIG. 11.5 – Simulation de la diffusion des moustiques *Aedes* sur différents quartiers - exemples sur la région de Cayenne (t=15 jours).

Quartier	Rayon de diffusion moyen (en m)
résidentiel dense	121
dispersé	79
mixte	284
spontané	258

TAB. 11.2 – Caractéristiques du rayon de diffusion des moustiques *Aedes* sur différents quartiers de la région de Cayenne (simulations)

Simulations d'actions de démoustication

La figure 11.6 présente un exemple d'action de démoustication : la simulation permet de visualiser l'impact de la pulvérisation d'insecticide depuis les routes sur la répartition spatiale des vecteurs.

Ceci met en évidence l'intérêt du modèle comme outil de simulation : de telles simulations permettraient par exemple d'identifier des zones non traitées et d'ajuster en fonction le circuit des camions pour les pulvérisations d'insecticides. Encore une fois, à défaut de pouvoir valider ces résultats, il s'agit simplement ici d'une démonstration du potentiel du modèle comme outil pour la lutte contre la dengue,

permettant éventuellement d'améliorer les stratégies de lutte.

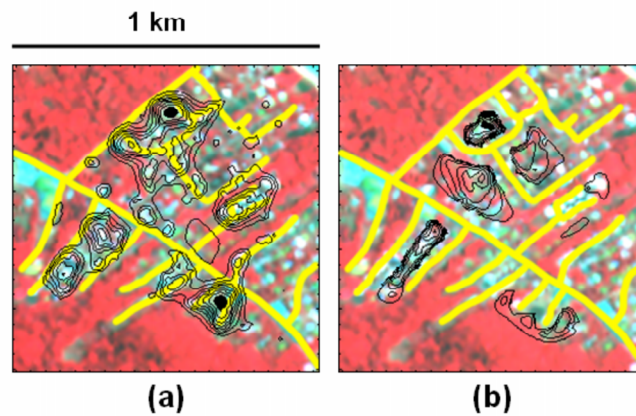


FIG. 11.6 – Simulation : répartition des populations d'*Aedes* avant (a) et après (b) la pulvérisation d'insecticide (tracé jaune) sur un quartier résidentiel, région de Cayenne.

Temps de calcul À titre indicatif, le temps de calcul est de 5 minutes environ pour une simulation de 20 jours (processeur : 2,8 GHz ; 768 Mo de RAM).

3.3 Discussion

Nous discutons ici la validité du modèle et ses perspectives d'application pour la surveillance de la dengue.

La question de la validation

Les résultats obtenus ici ont une portée uniquement démonstrative. Nous ne disposons pas en Guyane de données de terrain qui permettraient de valider nos résultats, et le cas échéant d'affiner le modèle (de telles données pourraient être obtenues par exemple par l'utilisation de marquage au rubidium des femelles *Aedes* et collecte des oeufs dans des pondoires pièges [Reiter *et al.*, 1995] [Honorio *et al.*, 2003]).

Ce type d'enquête entomologique est lourd à mettre en oeuvre, mais permettrait de tester les résultats mis en évidence par les simulations et d'autre part, si ces résultats étaient confirmés, d'expliquer les différences de diffusion décrites dans la littérature (voir par exemple [McDonald, 1977] [Trpis et Hausermann, 1986] [Reiter *et al.*, 1995] [Muir et Kay, 1998] [Honorio *et al.*, 2003]), ces différences pouvant alors être expliquées en fonction du type de paysage.

Perspectives d'application

La principale application du modèle de diffusion proposé est son utilisation comme outil de simulation de situations probables, d'une part pour identifier de manière fine les zones pour lesquelles le danger de dengue est le plus important (le

danger correspondant ici aux densités de vecteurs) et d'autre part pour déterminer les stratégies de lutte les mieux adaptées.

En effet, les simulations permettent de visualiser l'impact que peuvent avoir des actions de démoustication et donc de déterminer, par des tests successifs, les méthodes d'application les plus efficaces (trajet, répétitivité).

4 Simulation de la dynamique de moucheron *Culicoides* dans un paysage rural

Dans cette section, le modèle de diffusion des insectes est testé sur un tout autre type de paysage pour simuler la dynamique de moucheron *Culicoides* dans un milieu rural. Des photographies aériennes visible et proche infrarouge sur une région d'Alsace sont utilisées pour la classification du paysage. Les résultats permettent de discuter le caractère générique du modèle (§5).

4.1 Contexte

Les moucheron *Culicoides*, vecteurs de la "bluetongue"

On compte plus de 1400 espèces des moucheron du genre *Culicoides*, qui sont parmi les insectes hématophages les plus petits (1 à 3 mm) [Mellor *et al.*, 2000]. Ils sont impliqués dans la transmission de maladies telle que la fièvre catarrhale ovine (ou "bluetongue"), une maladie due à un virus qui atteint tous les ruminants sauvages et domestiques. La maladie clinique (apparition de symptômes) n'est observée que chez les ovins et certaines espèces de cervidés, mais d'autres ruminants tels que les bovins et les caprins peuvent jouer le rôle de réservoirs [MacLachlan, 1994].

L'émergence récente de la fièvre catarrhale ovine en Europe serait liée à des changements climatiques (la limite d'extension des *Culicoides* vers le nord de l'Europe serait en effet déterminée par la température [Wittmann *et al.*, 2001]) ainsi qu'à la diffusion de son vecteur, *Culicoides imicola*, par les vents [De Liberato *et al.*, 2003] [Sellers *et al.*, 1978].

Zone d'étude

Les moucheron *Culicoides* se nourrissant sur des animaux ruminants, le contexte d'application du modèle est modifié : la zone d'étude est un paysage rural, et les forces d'attraction sont créées par la présence des troupeaux. La figure 11.7 présente un tel paysage. Il s'agit d'une image aérienne de 3 km par 5 km avec une taille de pixel de 2 mètres.

Cette taille de pixel réduite ne correspond pas à la gamme d'échelles spatiales appropriées pour décrire un processus de diffusion des insectes (cf. chapitre 6, où nous avons défini les échelles pour lesquelles la description de la diffusion des insectes a un sens), aussi pour l'application du modèle l'image a été ré-échantillonnée par la suite à une taille de pixel de 20 mètres.



FIG. 11.7 – Paysage rural : photographie aérienne de la région d'Haguenau, Bas-Rhin.

4.2 Méthode

Classification du paysage

Les canaux rouge et proche-infrarouge de l'image ont été utilisés pour classer la zone d'étude **A** en trois classes : forêts ; végétation arbustive basse ; prairies et sols nus. Un indice de végétation, le NDVI¹, a été calculé et les trois classes ont été différenciées par seuillage sur cet indice.

La figure 11.8 présente le résultat de la classification sur un extrait de l'image de la figure 11.7 (zone de 2,8 x 2,8 km), ré-échantillonnée à 20 mètres.

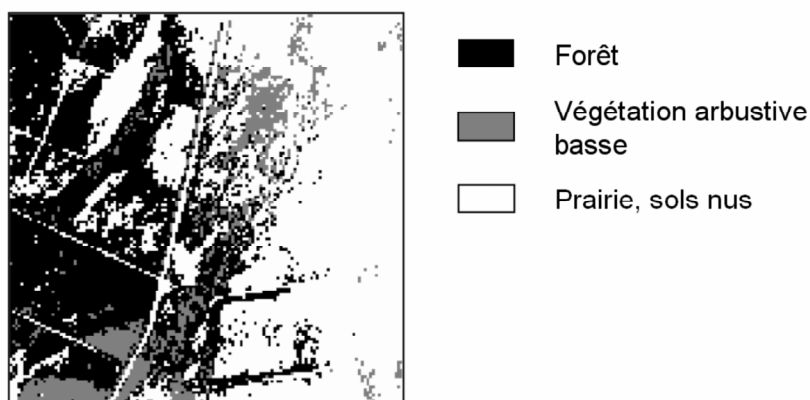


FIG. 11.8 – Classification d'un extrait de la figure 11.7 en trois classes de végétation.

¹cf. glossaire

Calcul des tenseurs

Tenseur de rugosité La diffusivité pure du tenseur de rugosité (D_0) est estimée d'après l'expression (6.16) avec un déplacement élémentaire moyen caractérisé par la distance $r=0,5$ m et le temps $\tau = 1$ sec [Delécolle, 2002].

On obtient ainsi la valeur $D_0 = 5400 \text{ m}^2 \cdot \text{jour}^{-1}$ soit $D_0 = 13,5|\Omega| \cdot \text{jour}^{-1}$ avec $|\Omega|$ l'aire du pixel.

Le tenseur de rugosité D_R est alors calculé d'après l'expression (7.5) avec les valeurs des coefficients de rugosité pour les trois classes $k_{foret}^R=0,6$; $k_{veg\text{basse}}^R=0,8$; $k_{sols}^R=1$ (cf. Chapitre 7).

Tenseur de vent Le tenseur de vent a été calculé de la même manière que le tenseur de rugosité avec les coefficients estimés de manière approximative $k_{foret}^W=0,6$; $k_{veg\text{basse}}^W=0,8$; $k_{sols}^W=1$.

Ce tenseur modifie localement le champ de vent défini pour la zone d'étude, au niveau du sol, par sa direction (indiquée par des flèches sur la figure 11.9) et son intensité (figure 9.2h).

Forces d'attraction

Les forces d'attraction sont, dans le cas des *Culicoides*, liées à la présence de troupeaux. On suppose que deux troupeaux ovins sont présents dans la zone d'étude **A**, représentés sur l'image par des pixels noirs (figure 11.9), auxquels on affecte la valeur $K_H=10$ (en considérant que l'attraction des moutons sur les moucheron est inférieure à celle des hommes sur les moustiques *Aedes*).

Sources et puits

L'activité de deux sources de *Culicoides* (zones d'émergence) est simulée dans la zone d'étude **A**, de la même façon que pour la simulation présentée dans le chapitre 8 pour le processus de diffusion en paysage artificiel (figure 9.2g : émergence sur quelques jours des moucheron, puis extinction des sources).

L'activité de la première source (partie sud-est de l'image) commence à $t=0$; celle de la deuxième source (partie sud-ouest de l'image) à $t=4$ jours.

4.3 Résultats

Les résultats des simulations de la dynamique des moucheron sont présentés dans la figure 11.9.

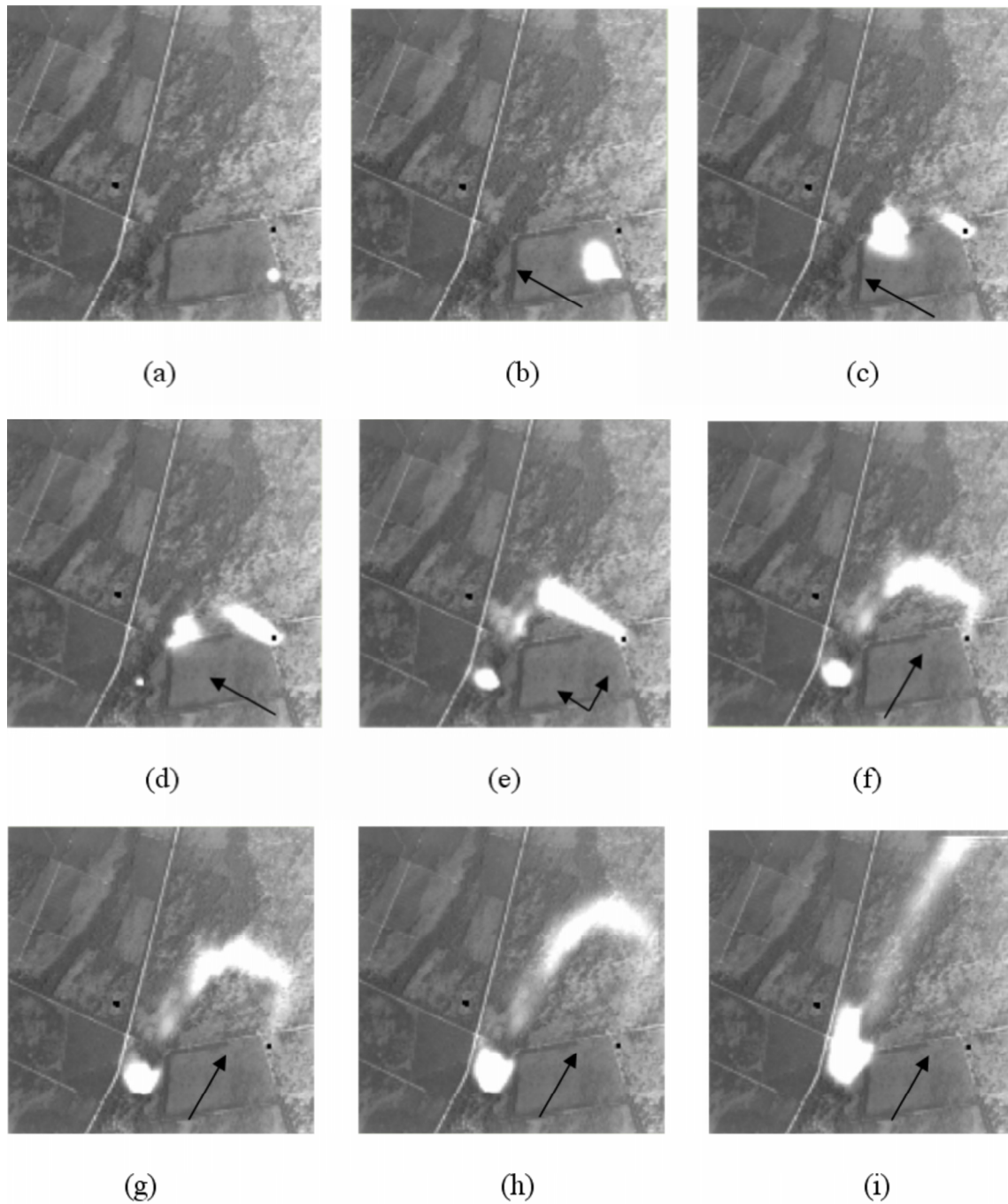


FIG. 11.9 – Simulation de la diffusion des *Culicoides* sur un paysage rural.

Description

Le nuage blanc représente l'évolution de la densité de *Culicoides* :

- 11.9 a (1^{er} jour) : Initialisation du processus. Diffusion des moucheron autour d'une première source (partie sud-est de l'image);
- 11.9 b (2^e jour) : Effet de transport dû au vent;
- 11.9 c (3^e jour) : Un premier troupeau est atteint : les *Culicoides* sont divisés

- en deux groupes, l'un attiré par la présence du troupeau, l'autre emporté par le vent ; ces "nuages" de moucheron se déplacent rapidement dans un paysage présentant une faible rugosité ;
- 11.9 d (4^e jour) : Le déplacement des moucheron est ralenti par la présence d'une zone de forêt (rugosité plus importante) ; une deuxième source apparaît (partie sud-ouest de l'image) ;
 - 11.9 e (5^e jour) : Le vent change de direction ;
 - 11.9 f/g/h/i (jour 6 à 9) : Le "nuage" qui approchait du second troupeau est dévié vers le nord-est en raison du vent, puis attiré par le premier troupeau et à nouveau emporté par le vent. La progression de ce nuage est rapide en raison de la faible rugosité du paysage dans cette partie de l'image, tandis que celle du second nuage est limitée par la forte rugosité du paysage (les zones de forêt).

Remarque

Dans cette simulation le vent joue un rôle primordial sur la diffusion des moucheron *Culicoides*. En effet, contrairement aux moustiques *Aedes aegypti*, qui sont fortement endophiles et endophages, les *Culicoides* restent à l'extérieur des habitations ce qui explique leur très forte sensibilité au vent.

4.4 Discussion

Nous avons testé ici le caractère générique du modèle en modifiant à la fois le contexte géographique et épidémiologique. Nous discutons dans un premier temps l'exemple des *Culicoides* et de la bluetongue. De manière plus générale, le caractère générique du modèle de diffusion des insectes est discuté dans la partie 5.

Culicoides et bluetongue

Les résultats présentés ici illustrent comment le modèle de diffusion des insectes peut être appliqué au cas des *Culicoides* sur un milieu rural. Pour cet exemple les coefficients relatifs aux forces d'attraction, au phénomène de transport par le vent et à la rugosité du paysage ont été modifiés d'après les connaissances que l'on avait en toute première approximation du comportement de ces moucheron (des connaissances plus approfondies sont nécessaires pour mieux estimer les paramètres du modèle de manière réaliste).

Les résultats montrent que le modèle peut être facilement adapté et en particulier permet de tenir compte du rôle du vent dans la dispersion des moucheron. Les perspectives d'application d'un tel modèle pour le cas de la diffusion des *Culicoides* sont nombreuses.

L'émergence de la bluetongue dans le bassin méditerranéen Le moucheron *Culicoides imicola* est le vecteur responsable de l'émergence récente de la maladie de la bluetongue en Europe : alors que cette maladie était reconnue enzootique en Afrique sub-saharienne mais absente des pays européens, depuis 5 ans sa progression vers le nord a été très rapide. Déclarée en Tunisie en décembre 1999, elle a été suspectée

(puis confirmée) en Algérie en juillet 2000, puis déclarée en Sardaigne en août de la même année, en Corse et aux Baléares en octobre, en Sicile et en Calabre en novembre [de La Rocque, 2002]. Habituellement décrit comme un insecte tropical, *Culicoides imicola* a pourtant été retrouvé dans tous les pays méditerranéens touchés, ce qui conforte l'hypothèse que l'extension de la maladie est consécutive de celle de ce moucheron, capable de s'adapter à des écosystèmes très différents [Guis, 2004].

Une diffusion liée à des paramètres environnementaux Dans cette diffusion le vent semble jouer un rôle très important et serait le responsable de la propagation des vecteurs vers le nord (les *Culicoides* pouvant être transportés par le vent sur des dizaines voire des centaines de kilomètres). Il semble que *Culicoides imicola*, vecteur exotique, se soit adapté aux écosystèmes méditerranéens en s'installant dans des paysages propices. Cependant on manque encore de connaissances sur les conditions favorables à la pérennisation de ce vecteur. A l'échelle de l'Europe, il semble que la température soit le facteur limitant à son installation ; à une échelle locale, les paramètres environnementaux déterminant sa présence restent inconnus.

Intérêt de la modélisation

Dans ce cas particulier de la diffusion et de l'installation d'un vecteur dans des régions alors indemnes, le modèle proposé permettrait de tester des hypothèses sur les conditions environnementales favorables à la pérennisation du vecteur (en particulier, le rôle du vent comme effet de transport) et dans un deuxième temps d'identifier les zones probables d'introduction et les zones à risque de la maladie (convergence de la vulnérabilité et du danger).

Des recherches sont actuellement menées par le département Élevage et Médecine Vétérinaire du CIRAD² pour mieux comprendre l'écologie du vecteur de la fièvre catarrhale du mouton, *Culicoides imicola*, et développer des modèles prédictifs de risque.

5 Discussion sur le caractère générique du modèle de diffusion

Les résultats de la simulation de la dynamique des mouchérons *Culicoides* (§4) semblent montrer que le modèle proposé dans la partie 3 peut être facilement adapté à un contexte différent (insecte étudié et environnement différents), à condition que l'on ait des connaissances : 1) sur le lien existant entre le comportement des insectes étudiés et l'environnement et 2) sur la manière de caractériser cet environnement par télédétection.

Insectes vecteurs et environnement

Afin d'appliquer le modèle pour un autre contexte, des connaissances entomologiques sur l'écologie de l'insecte étudié sont nécessaires avant tout. Il s'agit en fait

²Centre de coopération Internationale en Recherche Agronomique pour le Développement

de pouvoir "traduire" les connaissances que l'on a sur le comportement de l'insecte en fonction de paramètres environnementaux, qui sont souvent des connaissances énoncées de manière qualitative ou approximative, en valeurs pour les paramètres du modèle.

En particulier, la mise en place du modèle requiert une estimation de l'influence de l'occupation du sol sur les déplacements des insectes. D'autre part, le caractère réaliste, ou du moins plausible, de la simulation est validé par la connaissance de terrain donnée par les entomologistes.

Environnement et télédétection

A partir des types de paysages estimés propices à la diffusion ou au développement des insectes, une bonne connaissance à la fois du terrain et des techniques de télédétection est nécessaire pour pouvoir cartographier ces différents types de paysage et calculer ainsi les paramètres du modèle liés à l'environnement.

Ces connaissances successives des liens entre le comportement des insectes étudiés, l'environnement et la télédétection implique une collaboration interdisciplinaire pour fixer les paramètres du modèle.

Intérêt du modèle de diffusion des insectes

Dans ces conditions, le modèle de la diffusion des insectes, outre les réponses qu'il peut apporter à des cas particuliers comme celui de la dengue en Guyane, présente l'intérêt de pouvoir être relativement simplement appliqué, en s'appuyant sur l'état de l'art des connaissances entomologiques et médicales, à des contextes complètement différents.

En effet, de par sa construction le modèle de diffusion reste ouvert à toutes les influences possibles, que l'on adaptera selon le cas. Pour la dengue par exemple, en considérant que la présence de gîtes larvaires est un facteur déterminant, cette donnée sera recueillie avec soin, tandis que pour le vent on choisira simplement des ordres de grandeur réalistes. Au contraire, si, comme dans le cas des *Culicoides*, le vent joue un rôle essentiel dans la diffusion, cette variable sera mesurée plus précisément. Le fait que dès le départ on ait distingué les trois types d'actions qui modifient la dynamique spatiale des insectes (phénomène de transport, forces attractives et répulsives, rugosité du paysage) rend possible cette adaptation du modèle.

D'autre part, le fait que notre modèle soit basé sur des images de télédétection rend également plus facile l'application dans d'autres contextes. En effet les méthodes de classification par exemple, même si les classes changent, sont génériques, comme la méthode du calcul d'un indice de densité de population. Il est ainsi possible d'envisager d'étudier une même maladie sur différents sites géographiques mais avec la même méthode pour caractériser l'effet des paramètres environnementaux (ou éventuellement à partir de la même image, d'étudier le comportement de plusieurs maladies).

La question de la validation

Comme nous l'avons souligné déjà plusieurs fois, la question de la validation du modèle de diffusion est difficile, au moins dans notre cas, par manque de données sur la quantification de l'effet du paysage sur le comportement des insectes vecteurs. Des enquêtes de terrain, parfois des connaissances supplémentaires pour valider certaines hypothèses, seraient nécessaires pour cette étape.

6 Conclusion

Dans ce chapitre nous avons appliqué le modèle de diffusion des insectes sur différents exemples. Les simulations de la dynamique des moustiques *Aedes* sur différents sites en Guyane nous ont permis de discuter la validité du modèle et son application comme outil de surveillance de la dengue. En effet, ces simulations permettent de visualiser la dynamique spatiale des populations vectorielles et d'en déterminer les caractéristiques de diffusion. Des différences apparaissent en fonction du type de quartier : la forme et la taille des "nuages de moustiques" (qui correspondent à une probabilité de répartition des vecteurs) varient. Des études entomologiques de terrain seraient nécessaires pour évaluer ces résultats. Cependant, les différentes simulations démontrent l'intérêt du modèle pour identifier à une échelle très fine les foyers potentiels de dengue et optimiser les actions de démoustication.

Une simulation sur un paysage rural européen semble montrer que le modèle peut être facilement adapté à des contextes entomologiques et environnementaux différents, sous réserve que l'on ait des connaissances (même exprimées de manière approximative) sur le comportement du vecteur en fonction du type de paysage et de manière générale des conditions environnementales. En particulier, le modèle de diffusion permet de simuler quel peut être le rôle du vent sur la dispersion des *Culicoides*. Ces observations soulignent le caractère générique du modèle proposé.

Dans le chapitre suivant, nous testons le modèle complet de la diffusion d'une maladie vectorielle, avec le cas de la dengue sur la commune d'Iracoubo.

Chapitre 12

Simulation de la dynamique d'une épidémie de dengue

Dans ce chapitre le modèle de la dynamique de la dengue est utilisé pour simuler une épidémie de dengue sur la commune d'Iracoubo. La section 1 décrit les données du modèle. Les résultats sont comparés à la dynamique réelle de l'épidémie de dengue-3 survenue à Iracoubo en 2001 (section 2). L'influence des différents paramètres et l'intérêt du modèle pour la surveillance de la dengue sont discutés section 3. Dans la partie 4, nous discutons les perspectives d'application du modèle de la diffusion de maladies vectorielles.

1 Données du modèle

Tous les paramètres concernant le comportement du vecteur et la transmission ont été donnés dans les chapitres 10 et 11. Des photographies aériennes ont été utilisées pour calculer les tenseurs et le champ d'attraction (cf. chapitre 10). Cependant, comme précédemment, toutes les images ont ensuite été rééchantillonnées à 20 mètres, échelle spatiale adaptée à la description d'un phénomène de diffusion.

On récapitule les paramètres du modèle de la dynamique de la dengue dans le tableau (12.1).

Conditions initiales

Pour se placer dans des conditions proches de l'épidémie de dengue-3 survenue à Iracoubo en 2001, nous considérons initialement l'ensemble de la population humaine comme susceptible. En effet, d'après les données du Centre National de Référence des Arbovirus (IPG) le sérotype dengue-3 n'est apparu en Guyane que fin 1999 et n'a commencé à circuler à Iracoubo qu'en 2001.

Considérant que le virus dengue-3 a été introduit par un hôte infecté, toute la population des vecteurs est également considérée susceptible ; une fois les populations de vecteurs stabilisées ($t=20$), un hôte infecté est introduit à un point V_0 .

Paramètre du modèle	Description	Valeur
D_R	Effet du paysage sur le flux des insectes	Tab. 10.2
D_W \vec{W}	Effet du paysage sur le vent Provenance et intensité du vent	Tab. 10.2 NE-E, 5km/h.
K_H H	Coefficient d'attraction Champ d'attraction	100 Fig.7.10
sources : α puits : β	Localisation des gîtes larvaires Activités des gîtes Mortalité naturelle Traitements insecticides	Fig.10.7 Fig.10.6 $m(\Omega, t)=0,2$ $m(\Omega, t)=0,7$ pour $t \in [60 - 65]$
τ_{EIP}	Durée de la période d'incubation extrinsèque	10 jours
τ_{IIP}	Durée de la période d'incubation intrinsèque	5 jours
τ_V	Durée de la période de virémie	4 jours
τ_E	Durée de développement du moustique	10 jours
C_{VH}	Probabilité de transmission du vecteur à l'hôte	0,75
C_{HV}	Probabilité de transmission de l'hôte au vecteur	0,75
C_{VV}	Probabilité de transmission verticale	0,03
N_B	Nombre de piqure par vecteur et par jour	1

TAB. 12.1 – Résumé des paramètres du modèle dynamique de la dengue - simulations sur Iracoubo

2 Validation partielle

Comme dans le chapitre 11, nous résolvons l'équation de diffusion (9.1) pour simuler la dynamique des populations de moustiques *Aedes*. L'évolution des populations de vecteurs susceptibles, infectés, infectants et des populations d'hôtes susceptibles, infectés, infectants et résistants, est calculée en résolvant les équations du modèle de la dynamique de la dengue décrit dans le chapitre 8.

Les résultats sont ensuite comparés aux données réelles de l'épidémie de dengue-3 survenue à Iracoubo en 2001 (cf. chapitre 5), c'est-à-dire que l'on compare le nombre et la répartition des cas de dengue réels aux cas de dengue simulés $H_V(\Omega, t)$.

2.1 Les déplacements des personnes

Comme cela a été décrit dans le chapitre 5 et discuté dans le chapitre 8 (§4.1), les déplacements des personnes jouent un rôle important dans la propagation de la dengue. Des personnes susceptibles (H_S) peuvent se déplacer et venir au contact de vecteurs infectants (ρ_V), ou bien des personnes en phase de virémie (H_V) peuvent se déplacer et infecter des vecteurs susceptibles (ρ_S).

Deux cas sont donc différenciés selon que l'on prenne en compte ou non les déplacements des personnes.

1er cas : aucun déplacement

Dans le cas où les gens ne se déplacent pas (situation peu réaliste), le nombre de cas simulés est très réduit par rapport au nombre de cas réel.

En effet, selon le lieu où est introduit le virus (le point V_0), soit des cas secondaires apparaissent, soit le foyer s'éteint, selon les densités d'hôtes et de vecteurs présents en V_0 . Dans ce cas le modèle permet de déterminer, parmi différentes localisations du point d'infection initial V_0 , quelles sont les zones à risque de développement de l'épidémie, c'est-à-dire les foyers potentiels.

Cependant, pour simuler une dynamique de l'épidémie proche de celle de l'épidémie réelle il nous faut simuler, en plus du déplacement des vecteurs modélisé par un processus de diffusion, le déplacement des hôtes.

2e cas : les déplacements humains sont pris en compte

On introduit des déplacements humains en faisant varier chaque jour de façon aléatoire la distribution du terme $H_V(\Omega, t)$, ce qui a pour conséquence de modifier le terme d'apparition de moustiques infectés $\alpha_I(\Omega, t)$ (d'après l'équation 8.4).

Un nombre journalier de déplacements infectants est introduit : chaque jour, on considère que des personnes se déplacent et vont infecter de nouveaux voisinages tirés au sort parmi les pixels de la classe "habitations". La valeur de $H_V(\Omega, t)$ est modifiée sur ces pixels. Le nombre de déplacements est défini de manière réaliste, proportionnellement au nombre total de personnes virémiques ($\sum_{\Omega \in A} H_V(\Omega, t)$), avec un maximum de 10 déplacements infectants par jour.

On observe alors l'apparition de nouveaux cas de dengue dans le village (figure 12.1). La dynamique temporelle finale est proche de l'évolution temporelle réelle de l'épidémie (figure 12.2).

Temps de calcul Pour donner un ordre de grandeur, le temps de calcul est ici de 55 minutes pour une simulation sur une durée de 90 jours : la résolution des équations relatives à la transmission de la dengue double le temps de calcul par rapport à la simulation de la seule diffusion des moustiques (Chapitre 11, §2).

2.2 Dynamique temporelle

La prise en compte de déplacements humains permet d'obtenir des courbes proches des courbes de la dynamique temporelle réelle ($r^2=0,65$) (figure 12.2).

Toutefois le modèle surestime le risque : le nombre de cas total simulé varie entre 93 et 125 cas (résultats sur 20 simulations) ; en réalité seulement 77 cas suspects ont été déclarés (cf chapitre 5). Ce biais est cependant plus logique que le contraire. En effet, le nombre de cas de dengue asymptomatiques (et donc non détectés) n'est pas négligeable lors d'une épidémie [Deparis *et al.*, 1998b].

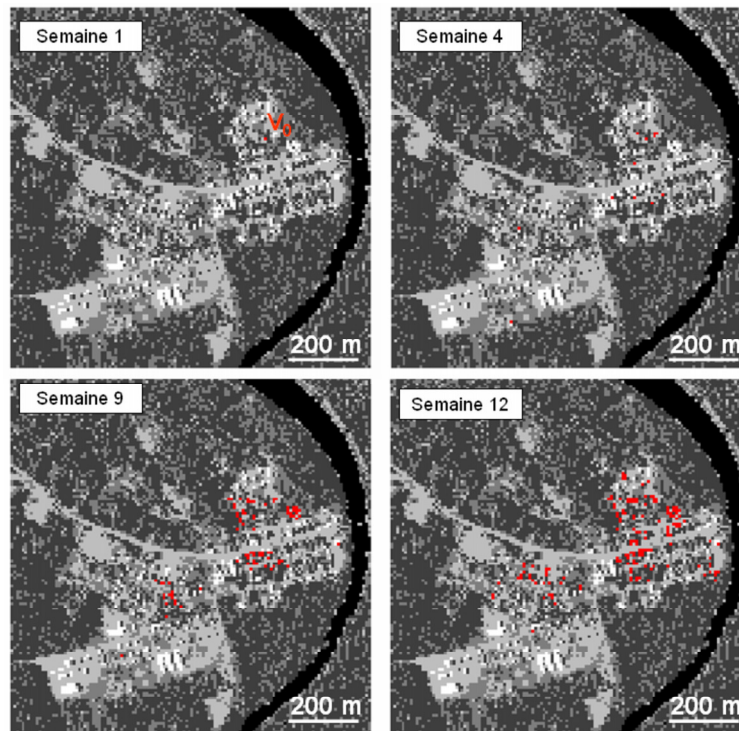


FIG. 12.1 – Résultat de simulations sur Iracoubo : simulation de la dynamique de l'épidémie lorsque les déplacements humains sont pris en compte. Les pixels en rouge sont les pixels où des personnes ont été infectées.

2.3 Dynamique spatiale

Détection des foyers de dengue

Plusieurs simulations sont effectuées pour détecter les foyers de dengue potentiels : un pixel est considéré comme "maison foyer" si pour chaque simulation un cas de dengue y est déclaré. Le fait d'utiliser un grand nombre de simulations réalistes permet de cerner au mieux les situations probables. Nous définissons les foyers de dengue en regroupant les "maisons foyer" qui sont adjacentes. La figure 12.4 présente ces foyers pour un exemple de 20 simulations.

La localisation de ces foyers simulés est ensuite comparée à celle des foyers réels décrits dans le chapitre 5 (figure 12.3).

Comparaison avec les foyers réels de dengue

La comparaison avec les foyers réels de dengue met en évidence la capacité du modèle à identifier les zones propices à la propagation de la dengue, c'est-à-dire les foyers potentiels : parmi 9 foyers réels identifiés à partir des cas susceptibles réels (figure 12.3), 7 correspondent à des foyers simulés ; 2 foyers n'ont pas été détectés, il s'agit des deux foyers ayant la plus petite taille, ils correspondent à l'occurrence de plusieurs cas dans une même maison.

D'autre part, comme nous l'avons vu le modèle surestime l'incidence de la maladie

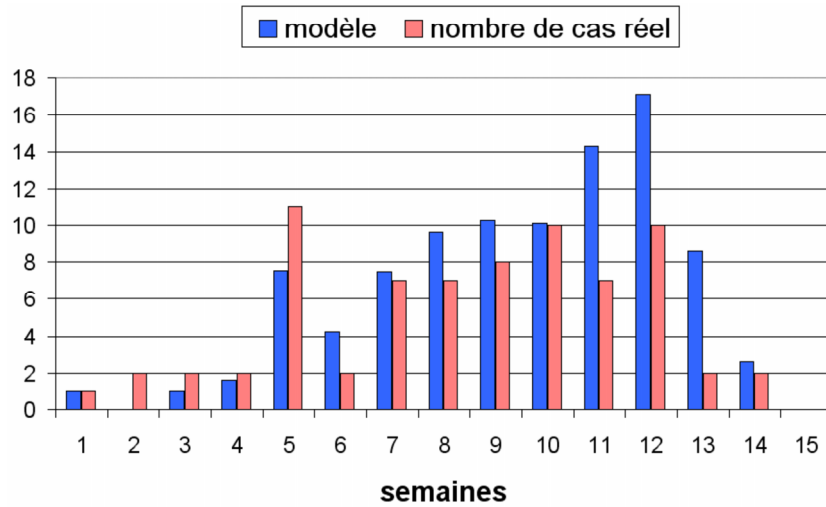


FIG. 12.2 – Résultat de simulation sur Iracoubo : évolution temporelle de l'épidémie (semaines 1 à 15. En rouge : nombre réel de cas suspects ; en bleu : nombre de cas simulés)

et présente donc 8 fausses détections de foyers potentiels. Parmi ces 8 "faux foyers" cependant, 5 correspondent effectivement à la déclaration d'un cas réel de dengue.

La comparaison des résultats met en évidence tout d'abord la capacité du modèle à identifier les différents foyers de dengue dont la création est liée à la diffusion des vecteurs sur un rayon réduit. Ce rayon moyen de diffusion est de 85 mètres pour le cas d'Iracoubo (cf. chapitre 11), distance qui correspond à la distance spatiale de l'indice de risque estimée dans le chapitre 5 par l'analyse de la répartition spatiale et temporelle des cas.

Or, comme le suggèrent les résultats obtenus sur différents quartiers de Cayenne, le rayon de diffusion varie en fonction du type d'habitat. Le modèle pourrait donc être utilisé en tant qu'outil de simulation pour identifier, à une échelle locale, les zones de foyers potentiels et cibler le contrôle des populations vectorielles dans ces zones.

Cependant rappelons qu'il s'agit ici d'une validation partielle, car nous ne disposons pas de données sur le facteur que nous avons introduit sur le nombre de déplacements humains. Pour une validation complète il nous faudrait obtenir ces données, par des enquêtes de terrain.

3 Discussion

3.1 L'importance des déplacements humains

L'introduction du déplacement des personnes nous a permis de simuler la dynamique temporelle d'une épidémie avec des résultats proches de la dynamique réelle. En effet le déplacement des personnes entraîne la propagation de la maladie sur de plus grandes distances que la seule diffusion des vecteurs et accélère le processus

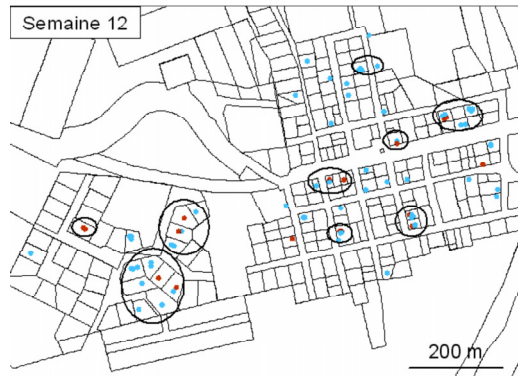


FIG. 12.3 – Répartition réelle des cas et des foyers de dengue dans le centre d'Iracoubo

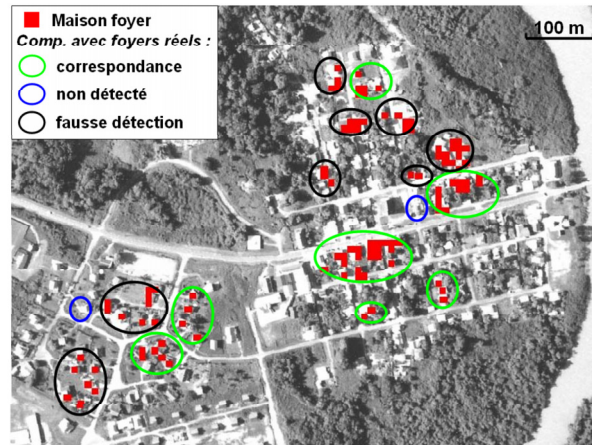


FIG. 12.4 – Résultat de simulations sur Iracoubo : localisation des foyers.

épidémique notamment en faisant apparaître de nouveaux foyers.

Comme les mouvements des personnes sont simulés ici de manière aléatoire (à défaut de données sur les mouvements de personnes, une première méthode très simple a été proposée § 2.1), la dynamique temporelle de la dengue aurait pu être obtenue par l'utilisation d'un modèle classique en compartiments. Cependant, ce type de modèle ne permet pas de simuler également la dynamique spatiale de l'épidémie et en particulier l'identification des foyers de dengue. Or, pour la surveillance opérationnelle de la dengue, les deux informations (identification des zones à risque et prévision de l'évolution temporelle) sont cruciales.

3.2 Intérêt du modèle de la dynamique de la dengue

L'intérêt et la nouveauté du modèle proposé pour la dynamique de la dengue, résident dans l'utilisation de données environnementales géoréférencées pour décrire la dynamique à la fois spatiale et temporelle de la maladie. Ainsi, le modèle peut être utilisé comme outil de simulation afin de déterminer les foyers de dengue potentiels, et comme outil prédictif de la dynamique temporelle en simulant de manière aléatoire les déplacements des personnes.

Il faut noter que la localisation des foyers de dengue potentiels identifiés par des simulations successives ne correspond ni exactement à la distribution des gîtes larvaires (que l'on pourrait considérer comme indicateur du danger), ni à celle de la densité de population : le modèle permet d'intégrer ces données avec la structure du paysage pour décrire de manière dynamique l'évolution d'une épidémie de dengue.

Concernant la qualité des résultats, il semble que ces premiers résultats obtenus soient très encourageants, même si le modèle surestime le nombre de cas et si la correspondance entre les foyers simulés et les foyers réels n'est pas exacte. En effet, la validation porte sur l'ensemble de la modélisation de deux phénomènes, d'une part la diffusion des moustiques *Aedes*, d'autre part le cycle de transmission de la dengue entre les moustiques vecteurs et les populations d'hôtes. Comme chacune de ces étapes est lourde d'hypothèses et que de nombreux paramètres ont été définis de

manière approchée, il était possible que les résultats soient bien davantage éloignés de la réalité. Le fait que les ordres de grandeurs restent réalistes et que la dynamique temporelle et spatiale d'une épidémie simulée à l'aide du modèle soit proche de la dynamique réelle de l'épidémie met en évidence le potentiel de notre modèle.

3.3 Limites

Le temps de calcul requis pour ces simulations peut être évoqué comme facteur limitant pour l'utilisation du programme sur de larges zones géographiques : il s'agit donc d'un outil destiné à l'étude de la propagation de la dengue à une échelle très locale. Cependant, l'augmentation rapide des capacités de calcul tendent à rendre ce facteur de moins en moins contraignant.

D'autre part rappelons que le modèle ne permet pas de prédire la localisation précise des cas de dengue (celle-ci étant trop liée aux déplacements des personnes, aléatoires à l'échelle locale) mais celle de foyers potentiels.

Enfin et surtout, l'amélioration du modèle suggérée précédemment nécessite une meilleure définition de plusieurs paramètres, notamment ceux liés à l'effet du paysage sur le comportement spatial des vecteurs, pour lesquels on ne dispose pas actuellement de données quantifiées. La mise en place des enquêtes de terrain nécessaires à l'acquisition de ces données est complexe.

4 Perspectives

4.1 Caractère générique du modèle de la dynamique de la dengue

Nous discutons ici le caractère générique du modèle proposé pour la dynamique de maladies à transmission vectorielle comme la dengue. Le modèle complet de la diffusion de la maladie n'a été testé ici que pour le cas de la dengue ; cependant, comme le suggèrent les résultats de l'application du modèle de diffusion à d'autres insectes que *Aedes aegypti* (chapitre 11), l'application du modèle pour la dynamique d'une maladie autre que la dengue semble possible.

En effet, comme cela a été discuté précédemment, le modèle de diffusion des insectes peut être facilement adapté à un contexte différent à la condition principale que l'on connaisse l'influence du paysage sur les mouvements des insectes étudiés (chapitre 11, §5). Si l'on connaît également les paramètres liés à la transmission de la maladie (taux de transmission, durées d'incubation), l'application du modèle de la diffusion d'une maladie à transmission vectorielle à d'autres cas que celui de la dengue est tout-à-fait envisageable, car une fois la dynamique des vecteurs calculée par la résolution de l'équation de diffusion, les équations décrivant les processus de transmission entre hôtes et vecteurs ne présentent pas de difficulté particulière.

Dans le chapitre précédent, l'exemple de la fièvre catarrhale du mouton transmise par les moucheron *Culicoides* avait été présenté. Des perspectives d'application à d'autres maladies vectorielles peuvent être évoquées.

4.2 Application du modèle à d'autres maladies à transmission vectorielle

Le paludisme

Par exemple il pourrait être intéressant d'essayer d'appliquer le modèle à une autre maladie à transmission vectorielle humaine, posant de graves problèmes de santé, le paludisme¹.

En Guyane, contrairement à la dengue, le paludisme sévit surtout dans les zones de forêt, le long des fleuves frontaliers Maroni (frontière avec le Surinam) et Oyapock (Brésil) ; il touche environ 5 000 personnes par an et si la mortalité est très bien contrôlée grâce à une prise en charge précoce des cas par les services de santé, le coût humain et financier de cette pathologie est très important pour la collectivité. Le comportement (durée de vie, rapidité de reproduction, ...) d'*Anopheles darlingi*, le vecteur du paludisme en Guyane, est fortement influencé par les conditions climatiques : température, humidité, précipitations. D'autre part sa diffusion est *a priori* beaucoup plus importante que celle d'*Aedes aegypti*, le vecteur de la dengue.

L'utilisation du modèle permettrait aux services chargés du contrôle des populations vectorielles de cibler leurs actions de lutte en identifiant des foyers de transmission du paludisme.

Maladies émergentes

Enfin, parmi les maladies à transmission vectorielle émergentes pour lesquelles le modèle pourrait être éventuellement appliqué on peut citer la fièvre du Nil Occidental (West Nile fever), qui touche aujourd'hui le sud de la France et dont les mécanismes de transmission sont mal connus à l'heure actuelle. Le modèle permettrait dans ce cas de tester des hypothèses sur la transmission.

5 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons appliqué le modèle dynamique de la dengue pour simuler l'évolution d'une épidémie sur la commune d'Iracoubo. Les données du modèle de diffusion des moustiques vecteurs avaient été présentées dans les chapitres 10 et 11. Les résultats ont été comparés aux données réelles sur le nombre de cas survenus lors d'une épidémie de dengue en 2001.

Cette étude met en évidence le potentiel du modèle pour l'identification des foyers de dengue. L'introduction des déplacements des hôtes a permis de simuler également la variation temporelle de l'épidémie avec une dynamique proche de l'évolution temporelle réelle. Surtout nous rappelons que la qualité des résultats d'un modèle dépend de celle des données d'entrée : dans notre cas, l'ajustement des paramètres définis ici de manière réaliste mais approximative pourra affiner les résultats du modèle. Des perspectives d'application à d'autres maladies vectorielles sont envisagées.

¹L'agent du paludisme est un protozoaire du genre *Plasmodium*, qui compte quatre espèces capables d'infecter l'homme (*Plasmodium falciparum* est l'espèce la plus fréquente et la plus meurtrière). L'homme est infecté lors d'une piqûre par l'insecte vecteur, un moustique anophèle femelle.

L'intégration du modèle comme outil de simulation dans le cadre d'un système opérationnel de surveillance de la dengue est discuté dans la partie suivante.

Conclusion de la quatrième partie

Dans cette partie, nous avons présenté plusieurs exemples d'application des modèles dynamiques proposés dans la partie 3. La validation quantitative de tels modèles reste difficile, mais la comparaison des résultats avec les données d'une épidémie réelle (Iracoubo, 2001) et la simulation des populations vectorielles sur la région de Cayenne montrent l'intérêt du modèle comme outil de simulation du développement d'épidémie de dengue, intégrant des paramètres environnementaux géoréférencés. Par ailleurs nous avons montré que le modèle de diffusion des insectes peut être aisément appliqué à des contextes environnementaux et épidémiologiques différents, à condition que l'on ait des connaissances sur le comportement des insectes vecteurs en fonction du type de paysage.

Pour le cas de la dengue, le modèle pourrait être utilisé pour la simulation de différents types d'action de lutte anti-vectorielle et de leur impact sur le développement de la maladie, et donc comme instrument de gestion pour le contrôle de la dengue ainsi que comme support de formation. Dans la partie suivante, l'intégration d'un tel outil dans les processus de surveillance et de contrôle de la dengue est discutée.

Cinquième partie

Conclusions et perspectives en santé
publique

Conclusions et perspectives en santé publique

Dans cette conclusion générale, nous présentons et discutons l'intégration de notre modèle et de manière plus générale des outils géomatiques dans un système de contrôle des maladies transmissibles. La section 1 rappelle tout d'abord les enjeux de la lutte contre la dengue. Dans la section 2, le schéma d'un système de surveillance de la dengue, intégrant les outils géomatiques à différents niveaux (recueil des données, analyse, modélisation), est détaillé. Une réflexion sur la rentabilité d'un tel système est menée en section 3. Enfin, les perspectives de l'approche développée tout au long de la thèse, sont présentées (section 4).

1 Les enjeux

Avant de décrire un système de surveillance utilisant les outils géomatiques, nous rappelons quels sont les enjeux actuels du contrôle de la dengue. Cette présentation servira par la suite de base de réflexion sur la rentabilité de la mise en place d'un tel système.

1.1 Le coût de la dengue

La dengue est devenue depuis plusieurs dizaines d'années un problème de santé publique majeur, concernant tous les pays de la zone intertropicale où les coûts humain et financier liés à la dengue sont en constante augmentation.

Coût humain

L'Organisation Mondiale de la Santé estime que le nombre de personnes exposées s'élève aujourd'hui à 2 milliards et demi de personnes, soit plus des deux cinquièmes de la population mondiale. Selon diverses estimations de 80 à 100 millions de personnes seraient touchées chaque année et plus de 30 000 décès, la plupart chez les enfants, sont attribués à la dengue.

L'Asie du Sud-Est est la région la plus touchée par la dengue mais le nombre total de cas et le nombre de pays touchés augmentent, notamment sur le continent américain, où la dengue hémorragique a fait son apparition au début des années 80, et où les formes graves (hémorragiques ou compliquées d'un syndrome de choc) sont de plus en plus fréquemment recensées [Pinheiro et Corber, 1997].

Coût financier

Il est difficile de calculer le coût financier exact de la dengue, mais différentes études donnent une approximation du coût économique de la dengue pour un pays, intégrant les coûts directs (soins des patients et mesures anti-vectorielles) et les coûts indirects (diminution de la production suite à l'arrêt de travail des personnes malades).

Ainsi, le coût de la dengue lors d'une épidémie de dengue survenue à Puerto Rico en 1977 a été estimé entre \$2,4 et \$4,7 millions pour les coûts directs et entre \$3,7 et \$10,9 millions pour les coûts indirects [Von Allmen *et al.*, 1979]. En Thaïlande, le coût total de la dengue pour le pays aurait augmenté de \$93,5 millions à \$417,8 millions entre 1996 et 1998 [WHO, 2004].

1.2 Le risque

Dans une région comme la Guyane, où la mortalité due à la dengue est heureusement faible, la menace de l'augmentation du nombre de formes graves, accompagnée d'un coût humain et financier important, est sérieuse. Ceci est vrai pour tous les pays de la zone intertropicale.

Aussi, d'après des enquêtes de l'Institut de Veille Sanitaire dans les départements français d'Amérique (Guadeloupe, Martinique, Guyane), un nombre croissant d'acteurs de la santé (médecins, entomologistes, responsables de laboratoires d'analyses de biologie médicale, épidémiologistes, décideurs de santé publique) ont aujourd'hui conscience que la dengue est devenue un problème de santé publique prioritaire [Blateau *et al.*, 1999] [Chaud *et al.*, 2001].

Tant que l'on ne dispose pas de vaccin contre les quatre sérotypes du virus de la dengue, le seul moyen de contrôler la maladie réside dans la lutte contre les moustiques vecteurs et la mise en place d'une surveillance épidémiologique performante.

2 Propositions pour un système de surveillance de la dengue intégrant les outils géomatiques

Nous présentons ici quelques propositions pour un système de surveillance de la dengue intégrant les outils géomatiques. Précisons qu'il ne s'agit pas de discuter ici uniquement l'application du modèle de la dynamique de la dengue développé durant la thèse, mais son intégration dans un système de surveillance plus global utilisant les outils géomatiques classiques (SIG). Ce système est en cours d'élaboration dans le cadre du projet S2Dengue.

2.1 Schéma général

Dans le schéma proposé, le SIG occupe une place centrale dans le processus de surveillance : il permet en effet de créer une base de données géoréférencées commune aux différents acteurs de la santé, d'intégrer différentes données (en particulier, les données issues de la surveillance des cas et celles issues de la surveillance entomologiques) et d'assurer le retour d'information (figure 12.5).

D'autre part, il permet d'alimenter les travaux de recherche sur la dengue et de retransmettre les résultats de ces études (prédiction des risques, amélioration de la connaissance de la maladie) aux acteurs concernés (décideurs de santé publique, médecins, entomologistes...).

Ainsi dans ce schéma les outils géomatiques sont employés à trois niveaux : celui du recueil des données, de l'analyse et de la modélisation.

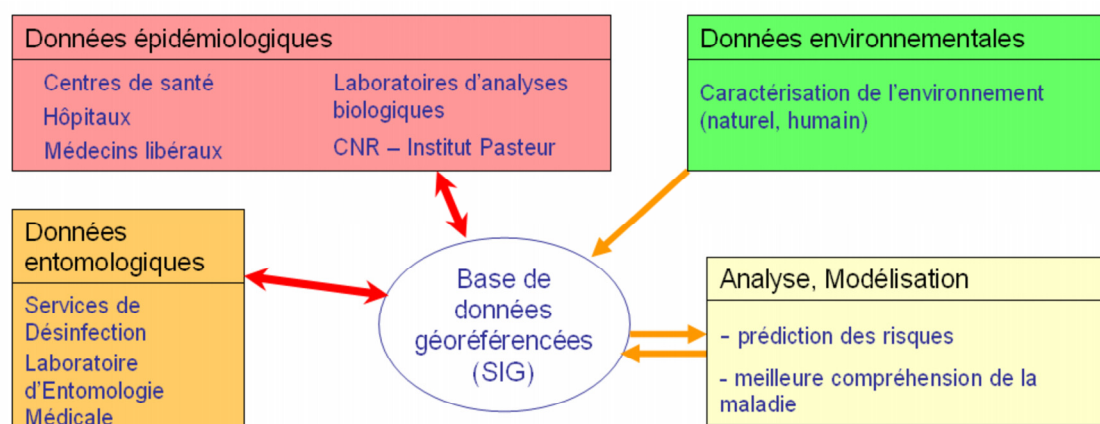


FIG. 12.5 – Rôle du Système d'Information Géographique dans un projet de surveillance de la dengue en Guyane.

2.2 Recueil des données

Surveillance des cas

Dans le cadre d'une surveillance à la fois spatiale et temporelle d'une maladie se pose le problème de la localisation des patients. En effet, en l'absence de système d'adressage complet et à jour, la localisation de l'adresse des patients passe par le géoréférencement de cette adresse avec une vérification sur le terrain (mesure GPS) qui demande énormément de temps [Morrison *et al.*, 1998].

L'utilisation de cartes, de photographies aériennes ou d'images satellitales avec une résolution métrique peut permettre de résoudre ce problème en localisant le domicile du patient (ou le lieu d'infection) au moment de la consultation. Nous donnons un exemple d'un système de localisation des patients lors de la consultation chez le médecin, qui a été développé durant la thèse en partenariat avec le Dr Alain Bouix, médecin libéral, et l'Institut Pasteur : nous avons contribué à la conception et la réalisation de ce système.

Une interface de saisie des cas ("DOC_dengue") a été implémentée dans le logiciel médical déjà existant ("DOC_teur") utilisé par les médecins libéraux en Guyane [Bouix, 2003]. La fiche de renseignements à remplir sur le patient comprend un module de localisation à l'aide de différentes cartes (figure 12.6).

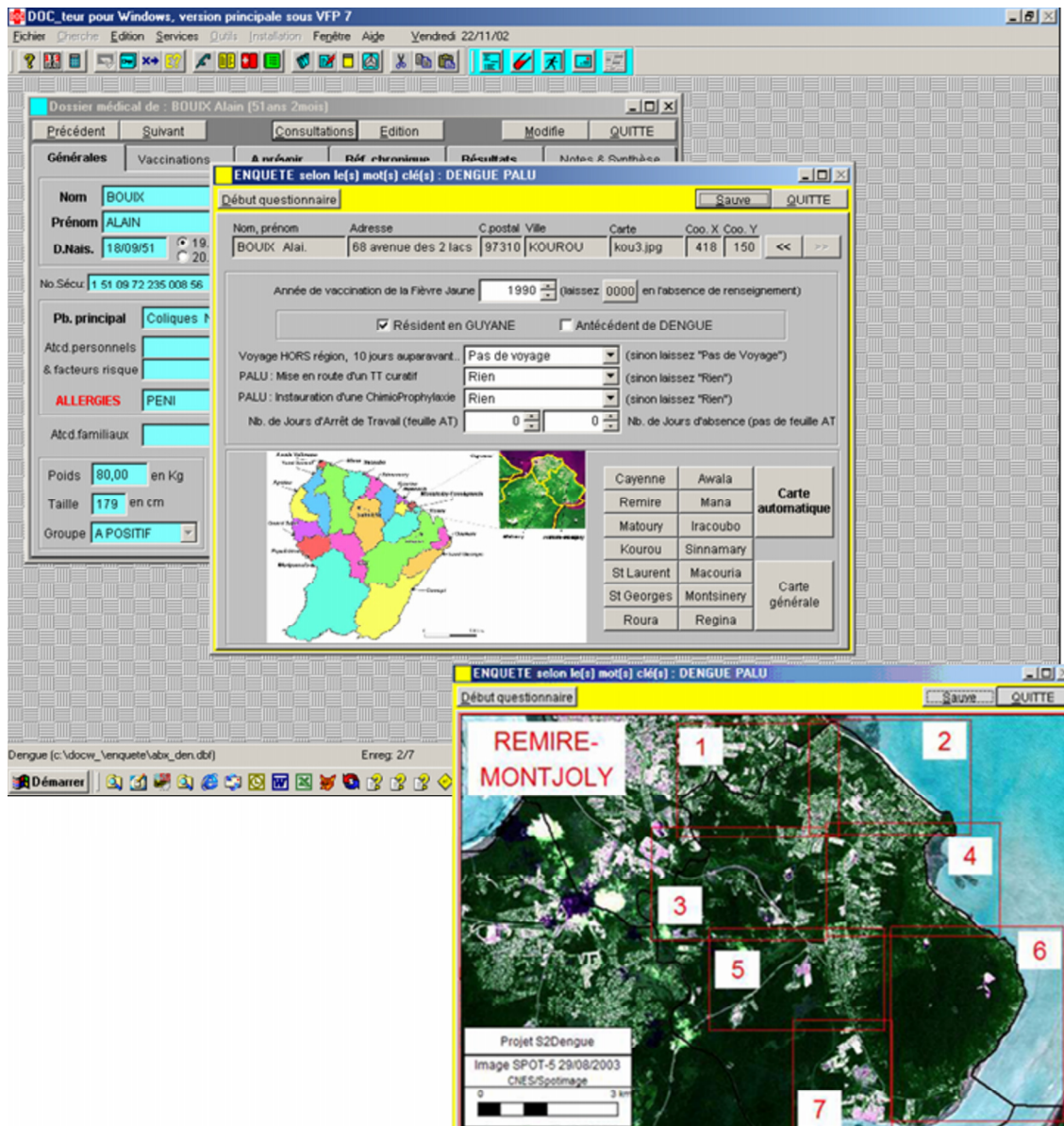


FIG. 12.6 – Module de localisation du logiciel métier DOC_teur (copyright : Dr A. Bouix).

L'utilisation de données de télédétection à haute résolution spatiale (image SPOT-5 à 2,5 mètres et photographies aériennes) facilite en effet la localisation des cas ; à l'écran, le patient, assisté du médecin, localise son lieu de résidence (ou de contamination) par des "zooms" successifs. En cliquant sur la carte, les coordonnées "pixel" sont enregistrées puis converties en coordonnées géographiques, qui sont enregistrées dans la fiche. L'ensemble des fiches (au format standard DBase) est ensuite centralisé à l'Institut Pasteur (envoi hebdomadaire des fiches par courrier électronique ou sur un support disquette) où les fiches sont intégrées au SIG semaine après semaine.

Surveillance entomologique

Dans le cadre du projet, le SDD, service départemental chargé en Guyane de la lutte contre les vecteurs de la dengue, s'est doté d'un SIG et a commencé à constituer une base de données des relevés entomologiques effectués et des actions de démoustication. Le recueil des données est effectué sur le terrain à l'aide d'appareils Palm Pilot (organiseurs de poche), couplés à un GPS.

Pour le tracé du découpage en secteurs et blocs d'intervention, l'utilisation de données de télédétection récentes (image SPOT-5 de 2003) par rapport aux cartes de l'IGN (1980) a permis de définir de nouveaux blocs dans les quartiers qui sont apparus ou se sont développés ces dernières années. Ici la répétitivité de l'observation satellitale montre tout son intérêt pour le suivi d'une urbanisation rapide.

Retour d'information

Les données issues de la surveillance des cas et de la surveillance entomologique sont, dans le cadre du projet, centralisées à l'IPG (par la suite il est prévu que le système soit géré par la DSDS²). L'intégration de toutes ces données dans un SIG et les fonctions de cartographie du SIG permettent de mettre en place un retour d'information (rétro-information) aux différents acteurs de la santé sous forme de cartes, disponibles par internet de manière hebdomadaire en période épidémique et mensuelle en période inter-épidémique.

Cette étape est très importante : elle doit permettre en particulier de réduire sensiblement les délais entre la déclaration d'un cas, sa confirmation et l'intervention des services de démoustication. Une évaluation du Réseau National de Santé Publique montre en effet que ces délais pouvaient aller jusqu'à 60 jours en 1997 [Chaud et Bateau, 1998].

2.3 Analyse

Du recueil des données à l'analyse

La mise en place d'un tel système de recueil des données relatives à la dengue (surveillance des cas et surveillance entomologique) va permettre d'améliorer la connaissance de l'histoire naturelle de la maladie : l'étude de la dynamique de la dengue sur de longues séries temporelles, l'analyse de la circulation des quatre sérotypes et l'étude des relations avec des conditions environnementales en seront facilitées.

En effet, actuellement toute étude rétrospective sur la circulation de la dengue nécessite le géoréférencement des cas, opération qui peut être très coûteuse en temps lorsqu'il s'agit de retrouver chaque lieu d'infection à partir d'une adresse et de s'y rendre pour enregistrer les coordonnées géographiques au moyen d'un GPS.

Par exemple, Morrison et al (1998), lors d'une étude sur une épidémie survenue à Puerto Rico en 1991-1992, estiment le temps de géoréférencement des cas à 3,4 patients par heure, soit un total de 110 heures pour les 377 cas déclarés durant l'épidémie. Pour notre cas, en Guyane le temps de géoréférencement de cas de dengue

²Direction de la Santé et du Développement Social - anciennement DDASS-État

sur l'île de Cayenne était en moyenne de 11 cas par heure (cette vitesse dépend de la connaissance du terrain et des distances à parcourir).

Le retour d'information

D'autre part, la mise en place de ce système doit faciliter la mise à disposition pour les acteurs de la santé des résultats de ces études ; c'est la signification des flèches à double sens représentées dans la figure 12.5.

A partir des données recueillies, les cartes des indicateurs de risque d'occurrence de la dengue (figures 12.7, 12.8) pourront être mises à jour et redistribuées aux décideurs de santé publique (DSDS, SDD) et aux médecins par Internet.

Encore une fois, cette étape de rétro-information est cruciale et permet d'intégrer les résultats de recherche dans un système de surveillance opérationnelle de la dengue.

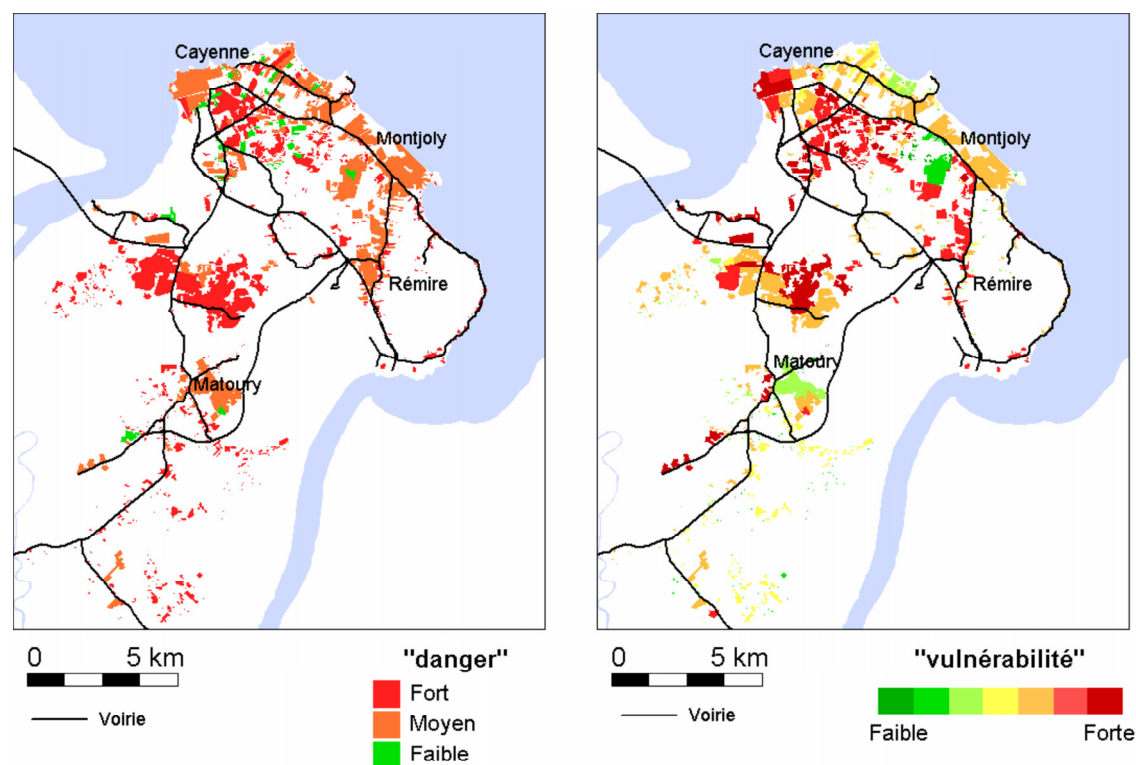


FIG. 12.7 – Exemples de cartes de "danger" (associé à la densité de gîtes larvaires en fonction du type d'habitat) et "vulnérabilité" (l'âge et la mobilité géographique de la population, la densité de l'habitat sont pris en compte) sur l'île de Cayenne.

2.4 Modélisation

Cette partie concerne l'application du modèle pour la diffusion des moustiques vecteurs et la dynamique de la dengue développé durant la thèse.

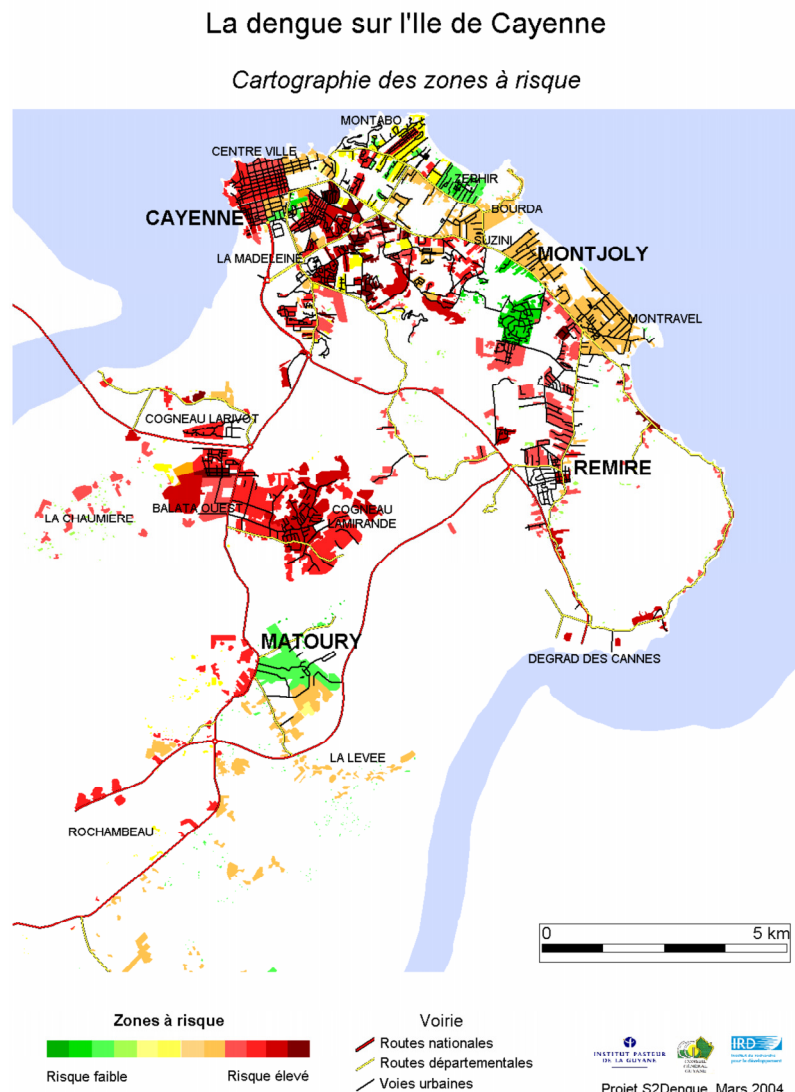


FIG. 12.8 – Exemples de cartes de risque de dengue sur l'Île de Cayenne.

Estimation des paramètres du modèle de diffusion

Les données géoréférencées relatives à la dengue et recueillies en temps réel pourront être utilisées pour estimer certains paramètres du modèle. Par exemple, les termes "source" (α) et "puits" (β) pourront être plus finement déterminés à partir de l'enregistrement des relevés entomologiques effectués par le SDD; le recueil géoréférencé des cas et leur confirmation doit permettre d'estimer la population susceptible par rapport aux différents sérotypes (H_S).

De manière générale, dans la mesure où la mise en relation des données entomologiques, épidémiologiques et environnementales est facilitée par un tel système de surveillance, les connaissances sur la transmission de la dengue en Guyane pourront être approfondies et la définition des différents paramètres du modèle affinée à partir de ces connaissances.

Outil de simulation

Cartographie dynamique du risque La modélisation permet de générer, au lieu de cartes "statiques" du risque (figure 12.8), des cartes de l'évolution de ce risque, et en particulier l'activité des foyers de dengue (cf. chapitre 11).

En intégrant un paramètre simulant les contacts infectieux supplémentaires induits par les déplacements des personnes, le modèle permet de simuler à la fois la dynamique temporelle d'une épidémie et l'activité des foyers (dynamique spatiale), et peut donc être utilisé comme un outil de simulation adapté au contrôle de la dengue.

Identification des foyers potentiels Le modèle permet de simuler le risque de création de foyers en fonction du lieu d'introduction d'un hôte infecté et de répondre par exemple à la question suivante : "si un cas se déclare à tel endroit, quel est le risque qu'un foyer se crée et génère de nouvelles infections?". Par différentes simulations le modèle permet d'identifier les foyers potentiels à surveiller en priorité, en fonction du paysage et de manière générale des paramètres environnementaux.

Test de l'impact des actions de démoustication Enfin, le modèle peut être utilisé pour simuler des actions de démoustication et en évaluer l'impact sur les populations de vecteurs et l'évolution d'une épidémie (cf. chapitre 10). Les résultats de telles simulations doivent permettre aux décideurs (notamment les agents du SDD) d'identifier les foyers de dengue potentiels et de simuler l'impact de campagne de démoustication. Différents types d'actions peuvent être simulées pour guider le choix de stratégies de lutte anti-vectorielle en fonction de leur efficacité et de leur coût.

Le développement d'un tel outil d'aide à la décision, qui comporte une partie importante d'analyse économique et de développement informatique, fait partie des perspectives de la thèse.

2.5 Applications

Dans ce paragraphe sont résumées les différentes applications des outils géomatiques dans la lutte contre la dengue.

Gestion de la lutte anti-vectorielle

En premier lieu l'utilisation d'un tel système pour déclencher, orienter et évaluer les moyens de lutte anti-vectorielle doit être mise en avant. En effet le contrôle de la maladie passe aujourd'hui uniquement par le renforcement des actions de lutte contre le vecteur.

Les cartes fournies en temps réel de la distribution des cas et du risque devraient permettre aux services de démoustication de déclencher, en cas de démarrage d'une épidémie, les moyens de lutte adaptés, et les orienter de la manière la plus ciblée et efficace possible.

L'outil de simulation que constitue le modèle pourrait être utilisé pour choisir et évaluer les moyens de lutte mis en place.

Aide au diagnostic

Pour les médecins qui ont à effectuer le diagnostic de la dengue, la mise à disposition de cartes de la distribution des cas et des cartes de risque doit permettre de faciliter le diagnostic (les symptômes de la dengue n'étant pas spécifiques).

En effet, un patient se présentant avec les symptômes de la dengue et résident d'une zone à risque où des cas de dengue auraient été déclarés les semaines précédentes (éventuellement par d'autres médecins) a plus de risque d'avoir contracté la dengue.

Prévention

Enfin, le système de surveillance a un rôle important à jouer dans la prévention de la dengue et la sensibilisation aux problèmes de santé publique qu'elle pose. Pour cela, les cartes de la répartition des cas, des zones à risques, constituent un bon support de communication. La visualisation d'une carte claire est en effet plus frappante qu'une série de chiffres.

D'autre part on peut imaginer la mise en place d'outils pédagogiques à partir du modèle de la diffusion des insectes, permettant par exemple de simuler des situations simples : si dans tel quartier les habitants éliminaient eux-mêmes les gîtes larvaires, quelle serait la conséquence sur la population de moustiques ? sur le risque de la dengue ? Jusqu'où peut voyager un moustique ? etc.

Rôle du SIG comme outil de communication

Pour finir, nous rappelons le rôle intégrateur d'un SIG commun aux différents acteurs de la santé. En effet, la mise en place d'un tel outil permet non seulement de mettre en relation des données diverses et éparses, mais également de faciliter la communication et les échanges entre les différents services et personnes concernées.

En particulier, au cours du travail de thèse, une dynamique de travail entre les différents acteurs de la santé en Guyane s'est créée autour des outils géomatiques, que ce soit pour la surveillance épidémiologique, la lutte anti-vectorielle ou pour alimenter de nouvelles réflexions sur d'autres maladies. Au fur et à mesure, l'application concrète des données de télédétection, des travaux d'analyse et de modélisation à des problèmes de santé a été rendue plus compréhensible.

3 Réflexions sur la rentabilité d'un tel système de surveillance

La rédaction de cette partie est basée sur le constat suivant : même s'il est très discutable d'évaluer des projets de recherche uniquement du point de vue financier, il nous paraît intéressant de présenter ici quelques réflexions sur le caractère de rentabilité qu'aurait un système de surveillance de la dengue tel que décrit précédemment.

3.1 L'analyse économique comme aide à la décision en santé

Que ce soit pour des maladies humaines ou animales, les analyses économiques appliquées à la lutte contre une maladie consistent à comparer le coût d'un programme de lutte contre cette maladie aux avantages apportés par la mise en place de ce programme. Si le principe d'une telle démarche est simple, sa mise en oeuvre est plus délicate. En effet, il s'agit d'évaluer d'une part le coût du programme de lutte, ce qui n'est pas toujours simple, et d'autre part les conséquences (avantages) de la lutte, ce qui peut être parfois extrêmement difficile à réaliser [Toma *et al.*, 2001]. Notons également que la durée sur laquelle porte l'évaluation en termes d'avantages/coût est cruciale ; en effet les deux variables coût/bénéfice n'ont pas le même comportement temporel.

3.2 Le cas du projet S2Dengue

Il ne s'agit pas ici de présenter une évaluation très précise du coût du projet mais de donner quelques réflexions sur les ordres de grandeur des dépenses en jeu.

Coût de l'intégration des outils d'analyse et de modélisation spatiale dans un programme de surveillance de la dengue

Le projet S2Dengue Il s'agit d'un projet de surveillance épidémiologique de la dengue en Guyane. Financé par le Ministère de la Recherche dans le cadre du RNTS³, il regroupe de nombreux partenaires en Guyane (Institut de Recherche pour le Développement et Institut Pasteur) et en France métropolitaine (École Vétérinaire de Lyon, société informatique CALYSTENE, MEDES, MEDIAS-France, CEA, Faculté de Médecine de Marseille). D'une durée de deux ans, le coût d'un tel projet est de 693 000€, qui comprennent l'équipement informatique et technique de la mise en place du réseau, ainsi que des salaires pour les activités de recherche et développement. Il faut noter qu'il s'agit ici de la mise en place d'un prototype ; pour une installation dans un nouveau site, le coût d'un tel projet serait 2 ou 3 fois moindre.

La suite du projet Il faudrait ici estimer les sommes supplémentaires à engager par la suite pour faire fonctionner le système de surveillance de manière tout à fait opérationnelle, géré par la DSDS. C'est une estimation difficile, mais la plupart de l'investissement matériel ayant été effectué, on peut estimer approximativement une somme de moitié inférieure, ce qui amène à un ordre de grandeur pour le coût total d'environ 1 000 000€. En effet, une fois le système de surveillance en place, on peut considérer en effet que les coûts de fonctionnement relatifs à l'utilisation du SIG et du module de simulation induisent peu de coûts supplémentaires par rapport à un système de surveillance sans ces outils.

Les avantages

Le coût de la dengue actuellement Nous ne connaissons pas exactement, pour le cas de la Guyane, le coût actuel de la dengue. Pour l'évaluer, une étude économique

³Réseau National des Technologies pour la Santé

sur les coûts directs et indirects serait nécessaire. Les coûts directs comprennent les dépenses relatives à la lutte anti-vectorielle menée par le SDD et le coût des soins et des analyses. Les coûts indirects peuvent être estimés par le manque à gagner économique engendré par les jours d'arrêt maladie des patients.

Dans ces conditions, les avantages apportés par l'utilisation des résultats du projet pour la surveillance de la dengue sont difficilement quantifiables.

Deux cas peuvent être distingués cependant : celui où la dengue en Guyane resterait une dengue "classique", avec très peu de formes graves ; et celui pour lequel, comme en Asie du Sud-Est aujourd'hui, la dengue prendrait fréquemment une forme sévère (dengue hémorragique, avec syndrome de choc).

Situation actuelle Depuis 1986, sont déclarés en moyenne en Guyane 1330 cas suspects de dengue par an. A partir du coût de la consultation (22€) et des analyses de biologie médicale (23€), un coût direct minimal de 59 850€ par an peut donc être estimé.

Par la réduction des délais d'intervention et l'identification des foyers potentiels de dengue, on peut espérer qu'une lutte plus rapide et ciblée permette de diminuer de moitié ce nombre de cas. L'avantage en termes financiers serait alors d'environ 30 000€/an : dans ce cas, plusieurs dizaines d'années seraient nécessaires pour rentabiliser la mise en place d'outils de surveillance nouveaux et sophistiqués.

Situation de dengue hémorragique Si l'on considère par contre le risque de généralisation des formes de dengue hémorragique en Amérique du Sud (les premiers cas de dengue hémorragiques sont apparus en Guyane en 1991 [Reynes *et al.*, 1994]), comme cela a été le cas en Asie, le scénario change.

En effet, la sévérité des accès de dengue engendre des coûts autrement différents : de \$6,7 par habitant et par an en Thaïlande [WHO, 2004] à \$702 par habitant pour une épidémie de 6 mois à Puerto Rico [Von Allmen *et al.*, 1979] (ici les coûts directs et indirects sont pris en compte).

En se basant sur les chiffres de Thaïlande et considérant que la population guyanaise s'élève à environ 200 000 personnes on obtiendrait grossièrement un coût par an pour la dengue de \$1 340 000. Dans ce cas, l'investissement initial pour un système de surveillance intégrant les outils géomatiques semble largement justifié.

Bilan

En conclusion, la mise en place d'un système de surveillance de la dengue comme celui proposé dans ce chapitre se justifie pour la dengue dans l'optique de prévenir l'augmentation du nombre et de la sévérité des cas qui amènerait la Guyane à une situation épidémiologique comparable à celle des pays d'Asie du Sud-Est.

L'augmentation récente du nombre d'épidémies de dengue en Amérique du Sud [Chadee *et al.*, 2004] [Barbella *et al.*, 2003] [de Castro *et al.*, 2003] et l'apparition de la dengue hémorragique dans la plupart de ces pays donne à penser que l'adoption d'une telle politique de santé publique est plus que souhaitable.

Rappelons enfin que le système de surveillance mis en place peut servir à surveiller d'autres maladies que la dengue.

4 Perspectives

Dans cette partie sont évoquées les perspectives du travail effectué durant la thèse, en particulier les applications à d'autres pathologies. Les limites du modèle de diffusion des vecteurs et de la dynamique de la dengue sont rappelées et des perspectives de recherche sont présentées.

4.1 Applications à d'autres pathologies

Maladies vectorielles

Le modèle de diffusion des insectes vecteurs, bien qu'il ait été développé dans le cadre de la thèse pour le cas de la dengue en Guyane, a cependant un caractère générique qui a été discuté dans le chapitre 11. Son application à d'autres maladies vectorielles est donc tout à fait envisageable, à condition que les différents paramètres environnementaux déterminants pour la diffusion des insectes aient été identifiés.

A titre d'exemple, le cas du paludisme pour les maladies humaines et celui de la fièvre catarrhale ovine pour les maladies animales, ont été évoqués dans le chapitre 11.

Maladies urbaines

D'autre part, les indicateurs environnementaux dérivés des données de télédétection pour le cas de la dengue (indicateurs de densité de population, du type d'habitat) ouvrent des perspectives de recherche pour l'application de la télédétection à des maladies liées au milieu urbain.

Des recherches en ce sens sont menées en collaboration par l'IRD et l'Institut Pasteur, pour mieux comprendre les causes d'apparition, de dispersion et/ou de persistance de maladies telles que la tuberculose [Guernier *et al.*, 2004] et la fièvre Q [Tran *et al.*, 2002].

4.2 Rappel des limites du modèle

Le modèle de diffusion des insectes et son application à la diffusion de maladies vectorielles qui ont été proposés ici ont été construits pour pallier certaines limites des applications existantes de la télédétection à l'épidémiologie (cf. chapitre 1), notamment pour permettre de simuler à la fois la dynamique temporelle et spatiale d'une maladie à des échelles adaptées aux mesures de lutte.

Certaines limites évoquées dans le chapitre 1 demeurent cependant.

Limites d'ordre technique

La limite concernant l'utilisation des données optiques liée à la couverture nuageuse persistante dans la plupart des pays tropicaux reste vraie ; cependant, dans la mesure où, pour le modèle, l'image de la zone d'étude n'est utilisée qu'une seule fois (pour calculer les tenseurs) et qu'une série d'images n'est pas nécessaire, il ne

s'agit pas d'un facteur trop limitant (en Guyane où la couverture nuageuse est particulièrement persistante, surtout à l'intérieur des terres, il est possible d'acquérir au moins une image exploitable par an).

D'autre part, le modèle n'est pas limité par la résolution spatiale des capteurs actuels puisque la résolution optimale déterminée pour décrire un processus de diffusion des insectes correspond à celle des capteurs usuels (Landsat-TM, SPOT) (cf. chapitre 6).

Le coût des images et des logiciels reste bien sûr une limite, mais l'intérêt d'un tel investissement a été discuté précédemment : face au risque de l'émergence de la dengue hémorragique et des coûts humains et économiques qu'elle entraîne, cet investissement semble justifié.

Enfin, une limite technique supplémentaire a été évoquée (cf. chapitres 11 et 12), il s'agit du temps de calcul nécessaire pour faire tourner le programme de simulation. Ce temps de calcul pourrait néanmoins être réduit, dans l'immédiat, par un développement algorithmique plus poussé, et dans le futur, par l'augmentation des capacités de calcul des ordinateurs.

Limites d'ordre méthodologique

Durant ce travail de thèse, les équations pour un modèle de diffusion intégrant les paramètres environnementaux ont été écrites et des simulations ont été effectuées sur différents cas concrets, soulignant l'intérêt d'un tel modèle pour le contrôle d'une maladie vectorielle comme la dengue. Cependant, certains paramètres du modèle ont été pour le moment estimés de manière approximative, faute de connaissances plus précises sur l'influence du type de paysage sur les déplacements des insectes. Le caractère nouveau du modèle, à savoir la dimension spatiale de la dynamique des vecteurs de la dengue, soulève en effet de nouvelles questions sur l'influence du paysage sur les déplacements des vecteurs et le rôle des paramètres environnementaux de manière générale sur la dynamique spatiale de ces vecteurs.

D'autre part, les déplacements des hôtes, qui jouent un rôle important dans la propagation de la dengue à l'échelle régionale (cf. chapitre 4), n'ont pas été pris directement en compte dans le modèle, qui est destiné pour l'instant à un fonctionnement à une échelle locale.

Enfin, la question de la validation du modèle est importante : des données géoréférencées à la fois sur la diffusion des vecteurs de la dengue (nécessitant des enquêtes de terrain) et sur la propagation de la dengue (pour de plus grandes villes qu'Iracoubo) sont requises pour valider le modèle.

4.3 Recherches futures

Outre l'application à d'autres maladies vectorielles, le travail de thèse ouvre des perspectives sur de nouvelles recherches.

Un travail pourrait être entrepris pour lier le modèle de diffusion des insectes vecteurs à un modèle sur le déplacement des personnes entre différentes régions, villes ou quartiers. Des informations sur les flux de personnes sont en effet disponibles : par exemple à partir de l'observation des flux de véhicules sur les axes routiers. Un

modèle prévisionnel de la propagation de la dengue à une échelle régionale pourrait ainsi être développé pour fournir aux décideurs de santé publique des outils d'analyse globale et locale d'une situation épidémique.

D'autre part, une analyse quantitative de risque, basée le modèle de diffusion de la dengue pourrait être réalisée pour affiner l'analyse du risque en terme de coûts. De telles méthodes ont été récemment développées en épidémiologie pour réaliser des outils d'aide à la décision pour la santé publique [Vose, 2000] [Pouillot *et al.*, 2002]; l'utilisation de modèles de la dynamique spatiale et temporelle de la maladie permettrait de donner une dimension spatiale à ce type d'approche.

En ce qui concerne le modèle de diffusion des insectes, des enquêtes entomologiques de terrain sont nécessaires pour estimer plus précisément les paramètres du modèle liés à l'influence du type de paysage sur la dynamique spatiale des insectes. Encore une fois, une collaboration interdisciplinaire est requise pour une telle application, en particulier entre entomologistes, épidémiologistes, géographes, physiciens de l'environnement.

5 Conclusion

Cette dernière partie conclut le travail de thèse, qui concernait la mise au point de modèles dynamiques et d'indicateurs environnementaux pour la surveillance de la dengue à partir de données de télédétection, sur l'intégration des résultats de ce travail dans un système opérationnel de contrôle de la maladie.

Des propositions ont été formulées pour l'utilisation de la télédétection dans le développement d'outils destinés aux acteurs de la santé et surtout aux décideurs de santé publique. Une réflexion sur l'intérêt d'une telle approche a été menée; même si des limites demeurent, l'intérêt de développer de telles méthodes semble justifié par rapport au risque d'expansion de la dengue et aux coûts qu'elle entraîne.

Enfin, quelques perspectives du travail de thèse ont été présentées, notamment l'application du modèle de diffusion basé sur des paramètres environnementaux géo-référencés à d'autres maladies vectorielles et le développement de systèmes opérationnels de surveillance intégrant les outils géomatiques.

Bibliographie

- [Abdel-Rahman *et al.*, 2001] ABDEL-RAHMAN, M., EL-BAHY, M., MALONE, J., THOMPSON, R. et EL BAHY, N. (2001). Geographic information systems as a tool for control program magement for schistosomiasis in Egypt. *Acta Tropica*, 79:49–57.
- [Adeniyi, 1983] ADENIYI, P. (1983). An aerial photographic method for estimating urban population. *Photogrammetric Engineering and Remote Sensing*, 49(4):545–560.
- [Anderson et May, 1991] ANDERSON, R. et MAY, R. (1991). *Infectious diseases of humans : dynamics and control*. Oxford University Press, New York.
- [Asrar *et al.*, 1989] ASRAR, G., MYNENI, R., LI, Y. et KANEMASU, E. (1989). Measuring and modeling spectral characteristics of a tallgrass prairie. *Remote Sensing of Environment*, 27(2):143–155.
- [Barbella *et al.*, 2003] BARBELLA, R. A., RODRIGUEZ, A. J. et VARGAS, J. (2003). Update on epidemiological situation of dengue in Venezuela, 2001-2002. *Journal of Clinical Virology*, 28:S62–S86.
- [Barret, 2001] BARRET, J. (2001). *Atlas illustré de la Guyane*, chapitre "Les communes - Iracoubo". IRD Editions, Paris.
- [Bavia *et al.*, 2001] BAVIA, M., MALONE, J., HALE, L., DANTAS, A., MARRONI, L. et REIS, R. (2001). Use of thermal and vegetation index data from earth observing satellites to evaluate the risk of schistosomiasis in Bahia, Brazil. *Acta Tropica*, 79:79–85.
- [Baylis *et al.*, 1998] BAYLIS, M., BOUAYOUNE, H., TOUTI, J. et EL HASNAOUI, H. (1998). Use of climatic data and satellite imagery to model the abundance of *Culicoides imicola*, the vector of African horse sickness virus, in Morocco. *Medical and Veterinary Entomology*, 12(3):255–266.
- [Beck *et al.*, 2000] BECK, L., LOBITZ, B. et WOOD, B. (2000). Remote sensing and human health : new sensors and new opportunities. *Emerging infectious diseases*, 6(3):217–226.
- [Beck *et al.*, 1994] BECK, L., RODRIGUEZ, M., DISTER, S., RODRIGUEZ, A., REJMANKOVA, E., ULLOA, A., MEZA, R., ROBERTS, D., PARIS, J., SPANNER, M., WASHINO, R., HACKER, C. et LEGTERS, L. (1994). Remote sensing as a landscape epidemiologic tool to identify villages at high risk for malaria transmission. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 51(3):271–280.

- [Beck *et al.*, 1997] BECK, L., RODRIGUEZ, M., DISTER, S., RODRIGUEZ, A., WASHINO, R., ROBERTS, D. et SPANNER, M. (1997). Assessment of a remote sensing-based model for predicting malaria transmission risk in villages of Chiapas, Mexico. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 56(1):99–106.
- [Blateau *et al.*, 1999] BLATEAU, A., CHAUD, P., DECLUDT, B., LAMAURY, I., STROBEL, M., TALARMIN, A. et YEBAKIMA, A. (1999). *Guide pour la surveillance de la dengue dans les départements français d'Amérique*. Institut National de Veille Sanitaire, France.
- [Boccarra *et al.*, 1994] BOCCARA, N., CHEONG, K. et ORAM, M. (1994). A probabilistic automata network epidemic model with births and deaths exhibiting cyclic behaviour. *Journal of Physics A*, 27(5):1585–1597.
- [Boegh *et al.*, 2002] BOEGH, E., SOEGAARD, H. et THOMSEN, A. (2002). Evaluating evapotranspiration rates and surface conditions using Landsat TM to estimate atmospheric resistance and surface resistance. *Remote Sensing of Environment*, 79(2-3):329–343.
- [Bohra et Handrianasolo, 2001] BOHRA, A. et HANDRIANASOLO, H. (2001). Application of GIS in modelling of dengue risk based on socio-cultural data : Case of Jalor, Rajasthan, India. In *22nd Asian Conference on Remote Sensing, Singapore*.
- [Bonn et Rochon, 1992] BONN, F. et ROCHON, G. (1992). *Précis de télédétection. Volume 1 : principes et méthodes*. Presses de l'Université du Québec / AUPELF.
- [Boone *et al.*, 2000] BOONE, J., MCGWIRE, K., OTTESON, E., DEBACA, R., KUHN, E., VILLARD, P., BRUSSARD, P. et ST JEOR, S. (2000). Remote sensing and geographic information systems : Charting sin nombre virus infections in deer mice. *Emerging infectious diseases*, 6(3):248–258.
- [Bouix, 2003] BOUIX, A. (2003). *S2Dengue, Surveillance Spatiale de la Dengue et son interface avec le logiciel médical DOC_teur...ou comment commencer avec un Système d'Information Géographique !* Manuel d'utilisation du logiciel DOC_teur, Kourou, Guyane.
- [Bourgarel, 1994] BOURGAREL, S. (1994). *Santé et géographie en Guyane*. Editions l'Harmattan, Paris.
- [Burke et Simmonds, 2003] BURKE, E. J. et SIMMONDS, L. P. (2003). Effects of sub-pixel heterogeneity on the retrieval of soil moisture from passive microwave radiometry. *International Journal of Remote Sensing*, 24(10):2085–2104.
- [Carbajo *et al.*, 2001] CARBAJO, A., SCHWEIGMANN, N., CURTO, S., de GARIN, A. et BEJARAN, R. (2001). Dengue transmission risk maps of Argentina. *Tropical Medicine and International Health*, 6(3):170–183.
- [Chadee *et al.*, 2004] CHADEE, D. D., WILLIAMS, F. L. R. et KITRON, U. D. (2004). Epidemiology of dengue fever in Trinidad, West Indies : the outbreak of 1998. *Annals of Tropical Medicine and Parasitology*, 98(3):305–312.
- [Chandrasekhar, 1943] CHANDRASEKHAR, S. (1943). Stochastic problems in physics and astronomy. *Reviews of Modern Physics*, 15:1–89.
- [Chaud et Blateau, 1998] CHAUD, P. et BLATEAU, A. (1998). *Les systèmes de surveillance de la dengue dans les départements français d'Amérique. Etat des lieux et propositions*. Rapport RNSP, 61 pages.

- [Chaud *et al.*, 2001] CHAUD, P., BLATEAU, A. et BAZELY, P. (2001). *La surveillance des maladies infectieuses et parasitaires aux Antilles et en Guyane. Détermination des priorités par les professionnels de la santé*. Institut National de Veille Sanitaire. Imprimé par Maulde & Renou.
- [Clements, 1963] CLEMENTS, A. (1963). *The physiology of mosquitoes*. Pergamon Press, Oxford.
- [Cline, 1970] CLINE, B. (1970). New eyes for the epidemiologists : aerial photography and other remote sensing techniques. *Journal of Epidemiology*, 92(2):85–89.
- [Cracknell, 1997] CRACKNELL, A. (1997). *The Advanced Very High Resolution Radiometer (AVHRR)*. Taylor & Francis, Londres.
- [Curran *et al.*, 2000] CURRAN, P., ATKINSON, P., FOODY, G. et MILTON, E. (2000). Linking remote sensing, land cover and disease. *Advances in parasitology*, 47:37–80.
- [de Castro *et al.*, 2003] de CASTRO, J. A. F., de ANDRADE, H. M., do MONTE, S. J. H., da SILVA, A. S., GOMES, K. C. B. L., AMARAL, L. F. D., CIPRIANO, F. D., do REGO, J. V., ARAUJO, M. A. D., FAUSTINO, S. K. M., NOGUEIRA, R. M. R., SCHATZMAYR, H. G. A. et MIAGOSTOVICH, M. P. (2003). Dengue viruses activity in Piaui, Brazil. *Memorias Do Instituto Oswaldo Cruz*, 98(3):1021–1023.
- [de La Rocque, 2002] de LA ROCQUE, S. (2002). *Processus et facteurs d'endémisation et de diffusion d'une maladie vectorielle émergente dans les écosystèmes méditerranéens. Cas de la fièvre catarrhale du mouton en Corse*. Projet de recherche "Action Concertée Incitative - Ecologie quantitative" du Ministère de la Recherche.
- [de La Rocque *et al.*, 2001] de LA ROCQUE, S., MICHEL, J., CUISANCE, D., DE WISPELAERE, G., SOLANO, P., AUGUSSEAU, X., ARNAUD, M. et GUILLOBEZ, S. (2001). *Du satellite au microsatellite. Le risque trypanosomien. Une approche globale pour une décision locale*. Editions du CIRAD, Montpellier.
- [De Liberato *et al.*, 2003] DE LIBERATO, C., PURSE, B. V., GOFFREDO, M., SCHOLL, F. et SCARAMOZZINO, P. (2003). Geographical and seasonal distribution of the bluetongue virus vector, *Culicoides imicola*, in central Italy. *Medical and Veterinary Entomology*, 17(4):388–394.
- [Delécolle, 2002] DELÉCOLLE, J. (2002). Contribution à l'étude des culicoides de corse. Liste des espèces recensées en 2000/2001 et redescription du principal vecteur de la fièvre catarrhale ovine : *C. imicola* kieffer, 1913 (diptera, ceratopogonidae). *Bulletin de la Société entomologique de France*, 107(4):371–379.
- [Deparis *et al.*, 1998a] DEPARIS, X., MURGUE, B., ROCHE, C., CASSAR, O. et CHUNGUE, E. (1998a). Changing clinical and biological manifestations of dengue during the dengue-2 epidemic in French Polynesia in 1996/97 - description and analysis in a prospective study. *Tropical Medicine and International Health*, 3(11):859–865.
- [Deparis *et al.*, 1998b] DEPARIS, X., ROCHE, C., MURGUE, B. et CHUNGUE, E. (1998b). Possible dengue sequential infection : dengue spread in a neighbourhood during the 1996/97 dengue-2 epidemic in French Polynesia. *Tropical Medicine and International Health*, 3(11):866–871.

- [Deubel et Rodhain, 1999] DEUBEL, V. et RODHAIN, F. (1999). Variations climatiques et dengue : impacts directs et indirects. *Médecine et Maladies Infectieuses*, 29(2):289–295.
- [Dister *et al.*, 1997] DISTER, S., FISH, D., BROS, S., FRANK, D. et WOOD, B. (1997). Landscape characterization of peridomestic risk for Lyme disease using satellite imagery. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 57(6):687–692.
- [Diu *et al.*, 1989] DIU, B., GUTHMANN, C., LEDERER, D. et ROULET, B. (1989). *Physique statistique*. Hermann, Paris.
- [Dufrêne et Bréda, 1995] DUFRÊNE, E. et BRÉDA, N. (1995). Estimation of deciduous forest leaf area index using direct and indirect methods. *Oecologia*, 104(2):156–162.
- [Esteva et Vargas, 1998] ESTEVA, L. et VARGAS, C. (1998). Analysis of a dengue disease transmission model. *Mathematical Biosciences*, 150(2):131–151.
- [Esteva et Vargas, 2000] ESTEVA, L. et VARGAS, C. (2000). Influence of vertical and mechanical transmission on the dynamics of dengue disease. *Mathematical Biosciences*, 167(1):51–64.
- [Estrada-Peña, 1999] ESTRADA-PÉÑA, A. (1999). Geostatistics and remote sensing using noaa-avhrr satellite imagery as predictive tools in tick distribution and habitat suitability estimations for *Boophilus microplus* (acari : Ixodae) in South America. *Veterinary Parasitology*, 81(1):73–82.
- [Feng et Velasco-Hernández, 1997] FENG, Z. et VELASCO-HERNÁNDEZ, J. (1997). Competitive exclusion in a vector-host model for the dengue fever. *Journal of Mathematical Biology*, 35(5):523–544.
- [Focks *et al.*, 1995] FOCKS, D., DANIELS, E., HAILE, D. et KEESLING, J. (1995). A simulation model of the epidemiology of urban dengue fever : literature analysis, model development, preliminary validation, and samples of simulations results. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 53(5):489–506.
- [Fouque, 1994] FOUQUE, F. (1994). *Enquêtes épidémiolo-entomologiques sur la dengue en Guyane française - Rapport annuel d'activité*. Institut Pasteur de la Guyane, Cayenne.
- [Fouque, 2002] FOUQUE, F. (2002). Modélisation de la dynamique des populations d'*Aedes aegypti* (diptera : Culicidae), vecteur de la dengue, en Guyane, et détermination de la capacité vectorielle de ces vecteurs. Mémoire de D.E.A., Faculté de Médecine de Montpellier 1, DEA de Biostatistique.
- [Fouque *et al.*, 1995] FOUQUE, F., REYNES, J. et MOREAU, J. (1995). Dengue in French Guiana, 1965-1993. *Bulletin Pan-American Health Organization*, 29:147–155.
- [Gardel, 2000] GARDEL, A. (2000). *Télédétection et enjeux d'aménagement en contexte urbain tropical : application à l'île de Cayenne, Guyane*. Thèse de doctorat, Université du Littoral Côte d'Opale.
- [Garnier et Delamare, 1999] GARNIER et DELAMARE (1999). *Dictionnaire des termes de médecine*. Maloine, Paris.

- [Gatrell et Löytönen, 1998] GATRELL, A. et LÖYTÖNEN, M. (1998). *GIS and Health Research : an introduction*. Taylor & Francis, Londres.
- [Geoconcept, 2000] GEOCONCEPT (2000). *Manuel d'utilisation, version 5.0*. Geoconcept SA.
- [Gleiser *et al.*, 1997] GLEISER, R., GORLA, D. et LUDUENA ALMEIDA, F. (1997). Monitoring the abundance of *aedes (ochlerotatus) albifasciatus* (macqart 1838) (diptera : Culicidae) to the south of Mar Chiquita LAKE, central Argentina, with the aid of remote sensing. *Annals of Tropical Medecine and Parasitology*, 91(8):917–926.
- [Goetz *et al.*, 2000] GOETZ, S., PRINCE, S. et SMALL, J. (2000). Advances in satellite remote sensing of environmental variables for epidemiological applications. *Advances in parasitology*, 47:289–304.
- [Gratz, 1991] GRATZ, N. (1991). Emergency control of *Aedes aegypti* as a disease vector in urban areas. *Journal of the American Mosquito Control Association*, 7(3):353–365.
- [Gratz, 1993] GRATZ, N. (1993). Lessons of *Aedes aegypti* control in Thailand. *Medical and Veterinary Entomology*, 7(1):1–10.
- [Groussin, 2001] GROUSSIN, J. (2001). *Atlas illustré de la Guyane*, chapitre "Le climat guyanais". IRD Editions, Paris.
- [Guernier *et al.*, 2004] GUERNIER, V., DEPARIS, X., BRUDEY, K., RASTOGI, N., SOLA, C., FOTSING, J.-M. et GUÉGAN, J.-F. (2004). La tuberculose sur l'île de Cayenne, en Guyane. Dynamique de transmission dans un système urbain hétérogène. In *Réseau Epidémiologie & Développement, Réunion thématique "Urbanisation et Santé"*, Montpellier, 30-31 septembre.
- [Guillemet, 2001] GUILLEMET, M. (2001). *Atlas illustré de la Guyane*, chapitre "Population". IRD Editions, Paris.
- [Guis, 2004] GUIIS, H. (2004). *Caractérisation par télédétection des unités paysagères favorables à la multiplication des Culicoides vecteurs de la fièvre catarrhale ovine dans le bassin méditerranéen : Cas de la Corse. Synthèse bibliographique*. Mémoire de Mastère. Mastère Systèmes d'Informations Localisées pour l'Aménagement des Territoires (SILAT), Montpellier, France.
- [Hales *et al.*, 1996] HALES, S., WEINSTEIN, P. et WOODWARD, A. (1996). Dengue fever epidemics in the south pacific : drive by El Niño Southern Oscillation ? *The Lancet*, 348(9042):1664–1665.
- [Hapke, 1993] HAPKE, B. (1993). *Theory of reflectance and emittance spectroscopy*. Cambridge University Press, Cambridge.
- [Harrington *et al.*, 2001] HARRINGTON, L., BUONACCORSI, J., EDMAN, J., COSTERO, A., KITTAYAPONG, P., CLARK, G. et SCOTT, T. (2001). Analysis of survival of young and old *Aedes aegypti* (diptera : Culicidae) from Puerto Rico and Thailand. *Journal of Medical Entomology*, 38(1):537–547.
- [Harvey, 2002] HARVEY, J. (2002). Estimating census district populations from satellite imagery : some approaches and limitations. *International Journal of Remote Sensing*, 23(10):2071–2095.

- [Hassan *et al.*, 1998] HASSAN, A., BECK, L. et DISTER, S. (1998). Predictions of villages at risk for filariasis transmission in the Nile delta using remote sensing and geographic information system technologies. *Journal of the Egyptian Society of Parasitology*, 28(1):75–87.
- [Hatanaka *et al.*, 1995] HATANAKA, T., NISHIMUNE, A., NIRA, R. et FUKUHARA, M. (1995). Estimation of available moisture holding capacity of upland soils using Landsat TM data. *Soil Science and Plant Nutrition*, 41(3):577–586.
- [Hay, 1997] HAY, S. (1997). Remote sensing and disease control : past, present and future. *Transactions of the royal society of tropical medicine and hygiene*, 92(2):105–106.
- [Hay, 2000] HAY, S. (2000). An overview of remote sensing and geodesy for epidemiology and public health application. *Advances in parasitology*, 47:1–35.
- [Hay *et al.*, 1998] HAY, S., SNOW, R. et ROGERS, D. (1998). Predicting malaria seasons in Kenya using multitemporal meteorological satellite sensor data. *Transactions of the royal society of tropical medicine and hygiene*, 92:12–20.
- [Hay *et al.*, 1996] HAY, S., TUCKER, C., ROGERS, D. et PACKER, M. (1996). Remotely sensed surrogates of meteorological data for the study of the distribution and abundance of arthropod vectors of disease. *Annals of Tropical Medicine and Parasitology*, 90(1):1–19.
- [Hayes *et al.*, 1985] HAYES, R., MAXWELL, E., MITCHELL, C. et WOODZICK, T. (1985). Detection, identification and classification of mosquito larval habitats using remote sensing scanners in earth-orbiting satellites. *Bulletin of the World Health Organization*, 63(2):361–374.
- [Honorio *et al.*, 2003] HONORIO, N., SILVA, W. d. C., LEITE, P., GONÇALVES, J., LOUNIBOS, L. et Lourenço-de OLIVEIRA, R. (2003). Dispersal of *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* (diptera : Culicidae) in an urban endemic dengue area in the state of Rio de Janeiro, Brazil. *Memórias do Instituto Oswaldo Cruz*, 98(2):191–198.
- [INSEE, 1999] INSEE (1999). *Recensement de la population, mars 1999. CD-ROM*. Institut National de la Statistique et des Etudes Economiques.
- [Jetten et Focks, 1997] JETTEN, T. et FOCKS, D. (1997). Potential changes in the distribution of dengue transmission under climate warming. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 57(3):285–297.
- [Kermack et McKendrick, 1927] KERMACK, W. et MCKENDRICK, A. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society*, A115:700–721.
- [Kitron, 1998] KITRON, U. (1998). Landscape ecology and epidemiology of vector-borne diseases : tools for spatial analysis. *Entomological Society of America*, 35(4):435–445.
- [Källen *et al.*, 1985] KÄLLEN, A., ARCURI, P. et MURRAY, J. (1985). A simple model for the spatial spread and control of rabies. *Journal of Theoretical Biology*, 116:377–393.

- [Knox, 1964] KNOX, G. (1964). The detection of space-time interactions. *Applied Statistics*, 13:25–29.
- [Krige, 1966] KRIGE, D. (1966). Two-dimensional weighted moving average trend surfaces for ore-evaluation. *Journal of the South African Institute of Mineralogy*, 66:13–18.
- [Linthicum *et al.*, 1999] LINTHICUM, K., ANYAMBA, A., TUCKER, C., KELLEY, P., MYERS, M. et PETERS, C. (1999). Climate and satellite indicators to forecast Rift Valley Fever epidemics in Kenya. *Science*, 285(5426):397–400.
- [Lions, 1971] LIONS, J. (1971). *Cours d'analyse numérique*. Ecole polytechnique, Palaiseau, France.
- [Liu *et al.*, 2003] LIU, J., CHEN, J. M. et CIHLAR, J. (2003). Mapping evapotranspiration based on remote sensing : An application to Canada's landmass. *Water Resources Research*, 39(7).
- [Lloyd et May, 1996] LLOYD, A. L. et MAY, R. M. (1996). Spatial heterogeneity in epidemic models. *Journal of Theoretical Biology*, 179(1):1–11.
- [Lobitz *et al.*, 2000] LOBITZ, B., BECK, L., HUQ, B., FUCHS, G., FARUQUE, A. et COLWELL, R. (2000). Climate and infectious disease : Use of remote sensing for detection of *vibrio cholerae* by indirect measurement. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 97(4):1438–1443.
- [Lothrop et Reisen, 1999] LOTHROP, H. et REISEN, W. (1999). A geographical information system to manage mosquito and arbovirus surveillance and control data in the Coachella Valley of California. *Journal of the American Mosquito Control Association*, 15(3):299–307.
- [MacLachlan, 1994] MACLACHLAN, N. J. (1994). The pathogenesis and immunology of bluetongue virus infection of ruminants. *Comparative Immunology, Microbiology and Infectious Diseases*, 17(3-4):197–206.
- [Malatre, 2001] MALATRE, X. (2001). *Atlas illustré de la Guyane*, chapitre "La santé". IRD Editions, Paris.
- [Malone *et al.*, 1994] MALONE, J., HUH, O., FEHLER, D., WILSON, P., WILENSKY, D., HOLMES, R. et ELMAGDOUB, A. (1994). Temperature data from satellite imagery and the distribution of schistosomiasis in Egypt. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 51(3):714–722.
- [May et Anderson, 1984] MAY, R. et ANDERSON, R. (1984). Spatial heterogeneity and the design of immunization programs. *Mathematical Biosciences*, 72(1):83–111.
- [McBride et Bielefeldt-Ohmann, 2000] MCBRIDE, W. et BIELEFELDT-OHMANN, H. (2000). Dengue viral infections; pathogenesis and epidemiology. *Microbes and Infection*, 2(9):1041–1050.
- [McDonald, 1977] MCDONALD, P. (1977). Population characteristics of domestic *Aedes aegypti* (diptera : culicidae) in villages on the Kenya coast. i. Adult survivorship and population size. *Journal of Medical Entomology*, 14(1):42–48.
- [Mellor *et al.*, 2000] MELLOR, P. S., BOORMAN, J. et BAYLIS, M. (2000). Culicoides biting midges : their role as arbovirus vectors. *Annual Review of Entomology*, 45:307–340.

- [Miranda *et al.*, 1998] MIRANDA, C., MARQUES, C. et MASSA, J. (1998). Sensoriamento remoto orbital como recurso para analise do ocorrência da leishmaniose tegumentar americana em localidade urbana da regio Sudeste do Brasil. *Revista de Saude Publica*, 32(5):455–463.
- [Moloney *et al.*, 1998] MOLONEY, J., SKELLY, C., WEINSTEIN, P., MAGUIRE, M. et RITCHIE, S. (1998). Domestic *Aedes aegypti* breeding site surveillance : limitations of remote sensing as a predictive surveillance tool. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 59(2):261–264.
- [Morrison *et al.*, 1998] MORRISON, A., GETIS, A., SANTIAGO, M., RIGAU-PEREZ, J. G. et REITER, P. (1998). Exploratory space-time analysis of reported dengue cases during an outbreak in Florida, Puerto Rico, 1991-1992. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 58(3):287–298.
- [Muir et Kay, 1998] MUIR, L. E. et KAY, B. H. (1998). *Aedes aegypti* survival and dispersal estimated by mark-release-recapture in northern Australia. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 58(3):277–282.
- [Murray, 2003] MURRAY, J. (2003). *Mathematical Biology. II : Spatial Models and Biomedical Applications. 3d Edition*. Springer-Verlag, Berlin.
- [Murtugudde *et al.*, 2004] MURTUGUDDE, R., WANG, L. P., HACKERT, E., BEAUCHAMP, J., CHRISTIAN, J. et BUSALACCHI, A. J. (2004). Remote sensing of the indo-pacific region : ocean colour, sea level, winds and sea surface temperatures. *International Journal of Remote Sensing*, 25(7-8):1423–1435.
- [Newton et Reiter, 1992] NEWTON, E. et REITER, P. (1992). A model of the transmission of dengue fever with an evaluation of the impact of Ultra-Low Volume (ULV) insecticide applications on dengue epidemics. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 47(6):709–720.
- [Okubo et Kareiva, 2001] OKUBO, A. et KAREIVA, P. (2001). *Diffusion and ecological problems. Modern perspectives*, chapitre Some examples of animal diffusion. Springer-Verlag, New-York.
- [Omumbo *et al.*, 2002] OMUMBO, J., HAY, S., GOETZ, S., SNOW, R. et ROGERS, D. (2002). Updating historical maps of malaria transmission intensity in East Africa using remote sensing. *Photogrammetric Engineering & Remote Sensing*, 68(2):161–166.
- [Patz *et al.*, 1998] PATZ, J., MARTENS, W., FOCKS, D. et JETTEN, T. (1998). Dengue fever epidemic potential as projected by general circulation models of global climate change. *Environmental Health Perspectives*, 106(3):147–153.
- [Paul *et al.*, 1997] PAUL, S., DUCHER, G., JOBARD, I., LATARCHE, C. et LENCO, M. (1997). *Terminologie de Télédétection et Photogrammétrie*. Conseil international de la langue française, Paris.
- [Pinheiro et Corber, 1997] PINHEIRO, F. et CORBER, S. (1997). Global situation of dengue and dengue haemorrhagic fever, and its emergence in the Americas. *World health statistics quartely*, 50:161–168.
- [Pongsumpun et Tang, 2001] PONGSUMPUN, P. et TANG, I. (2001). A realistic age structured transmission model for dengue hemorrhagic fever in Thailand. *Southeast Asian Journal of Tropical Medicine and Public Health*, 32(2):336–340.

- [Pope *et al.*, 1992] POPE, K., SHEFFNER, E., LINTHICUM, K., BAILEY, C., LOGAN, T., KASISCHKE, BIRNEY, K., A.R., N. et ROBERTS, C. (1992). Identification of Central Kenyan Rift Valley virus vector habitats with Landsat TM and evaluation of their flooding status with airborne imaging radar. *Remote Sensing of Environnement*, 40(3):185–196.
- [Pouillot *et al.*, 2002] POUILLOT, R., SANAA, M. et DUFOUR, B. (2002). Principes de l’appréciation quantitative probabiliste des risques. *Epidémiologie et santé animale*, 41:85–94.
- [Raffy et Soudani, 2004] RAFFY, M. et SOUDANI, K. (2004). On the LAI of mixed soils-forests regions. *International Journal of Remote Sensing*, 25(15):3073–3090.
- [Raffy *et al.*, 2003] RAFFY, M., SOUDANI, K. et TRAUTMANN, J. (2003). On the variability of the LAI of homogeneous covers with respect to the surface size and application. *International Journal of Remote Sensing*, 24(10):2017–2035.
- [Randolph, 2000] RANDOLPH, S. (2000). Ticks and tick-borne disease systems in space and from space. *Advances in parasitology*, 47:217–243.
- [Rees, 1999] REES, G. (1999). *The remote sensing book*. Cambridge University Press.
- [Reiter *et al.*, 1995] REITER, P., AMADOR, M. A., ANDERSON, R. A. et CLARK, G. G. (1995). Dispersal of *Aedes-Aegypti* in an urban area after blood-feeding as demonstrated by rubidium-marked eggs. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 52(2):177–179.
- [Reiter *et al.*, 2003] REITER, P., LATHROP, S., BUNNING, M., BIGGERSTAFF, B., SINGER, D., TIWARI, T., BABER, L., AMADOR, M., THIRION, J., HAYES, J., SECA, C., MENDEZ, J., RAMIREZ, B., ROBINSON, J., RAWLINGS, J., VORNDAM, V., WATERMAN, S., GUBLER, D., CLARK, G. et HAYES, E. (2003). Texas lifestyle limits transmission of dengue virus. *Emerging Infectious Diseases*, 9(1):86–89.
- [Rejmankova *et al.*, 1995] REJMANKOVA, E., ROBERTS, D., PAWLEY, A., MANGUIN, S. et POLANCO, J. (1995). Predictions of adult *anopheles albimanus* densities in villages based on distances to remotely sensed larval habitats. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 53(5):482–488.
- [Reynes *et al.*, 1994] REYNES, J., LAURENT, A., DEUBEL, V., TELLIAM, E. et MOREAU, J. (1994). The first epidemic of dengue hemorrhagic fever in French Guiana. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 51(5):545–553.
- [Rodhain, 1996] RODHAIN, F. (1996). L’écologie d’*Aedes Aegypti* en Afrique et en Asie. *Bulletin de la Societe de Pathologie Exotique*, 89(2):103–106.
- [Rogers *et al.*, 1996] ROGERS, D., HAY, S. et PACKER, M. (1996). Predicting the distribution of tsetse flies in West Africa using temporal Fourier processed meteorological satellite data. *Annals of Tropical Medecine and Parasitology*, 90(3):225–241.
- [Rogers et Randolph, 1991] ROGERS, D. et RANDOLPH, S. (1991). Mortality rates and population density of tsetse flies correlated with satellite imagery. *Nature*, 351(6329):739–741.

- [Rohani *et al.*, 1996] ROHANI, P., MAY, R. et HASSEL, M. (1996). Metapopulations and the equilibrium stability : The effects of spatial structure. *Journal of Theoretical Biology*, 181(2):97–109.
- [Rvachev et Longini, 1985] RVACHEV, L. et LONGINI, I. (1985). A mathematical model for the global spread of influenza. *Mathematical Biosciences*, 75(1):3–22.
- [Sellers *et al.*, 1978] SELLERS, R. F., PEDGLEY, D. E. et TUCKER, M. R. (1978). Possible windborne spread of bluetongue to Portugal, june-july 1956. *Journal of Hygiene*, 81(2):189–196.
- [Seto *et al.*, 2002] SETO, E., XU, B., LIANG, S., GONG, P., WU, W., DAVIS, G., QUI, D., GU, X. et SPEAR, R. (2002). The use of remote sensing for predictive modeling of schistosomiasis in China. *Photogrammetric Engineering & Remote Sensing*, 68(2):167–174.
- [Sharov, 1996] SHAROV, A. (1996). Modelling forest insect dynamics. In KORPILAHTI, E., MUKKELA, H. et SALONEN, T., éditeurs : *Caring for the forest : research in a changing world. IUFRO XX World Congress*, volume 2.
- [Shigesada, 1980] SHIGESADA, N. (1980). Spatial distribution of dispersing animals. *Journal of Mathematical Biology*, 9:85–96.
- [Shigesada, 1982] SHIGESADA, N. (1982). The role of rapid dispersal in the population dynamics of competition. *Theoretical Population Biology*, 21:353–372.
- [Shigesada *et al.*, 1986] SHIGESADA, N., KAWASAKI, K. et TERAMOTO, E. (1986). Travelling periodic waves in heterogeneous environments. *Theoretical Population Biology*, 30:143–160.
- [OMS, 2000] OMS (2000). *Maladies transmissibles : principales activités en 1999 et grands défis pour l'avenir*. Organisation Mondiale de la Santé, Genève.
- [Toma *et al.*, 2001] TOMA, B., DUFOUR, B., SANAA, M., BÉNET, J., SHAW, A., MOUTOU, F. et LOUZÃ, A. (2001). *Epidémiologie appliquée à la lutte collective contre les maladies animales transmissibles majeures*. AEEMA, Maisons-Alfort.
- [Tran *et al.*, 2004] TRAN, A., DEPARIS, X., DUSSART, P., MORVAN, J., RABARISON, P., REMY, F., POLIDORI, L. et GARDON, J. (2004). Dengue spatial and temporal patterns, french guiana, 2001. *Emerging Infectious Diseases*, 10(4):615–621.
- [Tran *et al.*, 2002] TRAN, A., GARDON, J., WEBER, S. et POLIDORI, L. (2002). Mapping disease incidence in suburban areas using remotely sensed data. *American Journal of Epidemiology*, 156(7):662–668.
- [Trpis et Hausermann, 1986] TRPIS, M. et HAUSERMANN, W. (1986). Dispersal and other population parameters of *Aedes aegypti* in an african village and their possible significance in epidemiology of vector-borne diseases. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 35(6):1263–1279.
- [Trpis *et al.*, 1995] TRPIS, M., HAUSERMANN, W. et CRAIG, G. (1995). Estimates of population size, dispersal, and longevity of domestic *Aedes aegypti* (diptera :cuculidae) by mark-release-recapture in the village of Shauri Moyo in Eastern Kenya. *Journal of Medical Entomology*, 32(1):27–33.
- [Van den Driessche et Watmough, 2002] Van den DRIESSCHE, P. et WATMOUGH, J. (2002). Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. *Mathematical Biosciences*, 180:29–48.

- [Von Allmen *et al.*, 1979] VON ALLMEN, S., LOPEZ-CORREA, R., WOODALL, J., MORENS, D., CHIRIBOGA, J. et CASTA-VELEZ, A. (1979). Epidemic dengue fever in Puerto Rico, 1977 : a cost analysis. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 28(6):1040–1044.
- [Vose, 2000] VOSE, D. (2000). *Risk Analysis, A quantitative guide*. Wiley and Sons, Chichester.
- [Wan *et al.*, 2002] WAN, Z., ZHANG, Y., ZHANG, Q. et LI, Z.-L. (2002). Validation of the land surface temperature products retrieved from Terra moderate resolution imaging spectro-radiometer data. *Remote Sensing of Environment*, 83(1-2):163–180.
- [Warren-Wilson, 1963] WARREN-WILSON, J. (1963). Estimation of foliage denseness and foliage angle by inclined point quadrat. *Australian Journal of Botany*, 11:95–105.
- [Washino et Wood, 1994] WASHINO, R. et WOOD, B. (1994). Application of remote sensing to arthropod vector surveillance and control. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 50(6):134–144.
- [Watts *et al.*, 1987] WATTS, D., BURKE, D., HARRISON, B., WHITMIRE, R. et NISALAK, A. (1987). Effects of temperature on the vector efficiency of *Aedes aegypti* for dengue 2 virus. *American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 36(1):143–152.
- [Weidong *et al.*, 2003] WEIDONG, L., BARET, F., XINGFA, G., BING, Z., QUINGXI, T. et LANFEN, Z. (2003). Evaluation of methods for soil moisture estimation from reflectance data. *International Journal of Remote Sensing*, 24(10):2069–2084.
- [WHO, 2004] WHO (2004). *Dengue/DHF. Management of Dengue Epidemic*, chapitre Economic Cost of Dengue/Dengue Haemorrhagic Fever. World Health Organization, Regional Office for South-East Asia.
- [Wittmann *et al.*, 2001] WITTMANN, E. J., MELLOR, P. S. et BAYLIS, M. (2001). Using climate data to map the potential distribution of *Culicoides imicola* (diptera : Ceratopogonidae) in Europe. *Revue Scientifique et Technique de l'Office International des Epizooties*, 20(3):731–740.
- [Wolfensohn et Galun, 1953] WOLFENSOHN, M. et GALUN, R. (1953). A method for determining the flight range of *Aedes aegypti*. *Bulletin of the research council of Israel*, 2:433–436.
- [Wolfram, 2003] WOLFRAM, S. (2003). *The Mathematica Book*. Wolfram Media, 5th edition édition.
- [Wood *et al.*, 2000] WOOD, B., BECK, L., LOBITZ, B. et BOBO, M. (2000). Education, outreach and the future of remote sensing in human health. *Advances in parasitology*, 47:331–344.
- [Wood *et al.*, 1992] WOOD, B., BECK, L., WASHINO, R., HIBBARD, K. et SALUTE, J. (1992). Estimating high mosquito-producing rice fields using spectral and spatial data. *International Journal of Remote Sensing*, 13(15):2813–2826.
- [Zauderer, 1989] ZAUDERER, E. (1989). *Partial Differential Equations*. John Wiley & Sons, New York.

Glossaire

Arbovirose Maladie virale transmise par piqûre d'arthropodes hématophages.

Arthropodes Ensemble d'invertébrés, dont les crustacés, les insectes, les araignées.

Corrélation temporelle L'inter-corrélation (ou "corrélation") de deux signaux permet de mesurer le degré de similitude entre ces signaux. La fonction d'inter-corrélation R_{XY} de deux signaux discrets (ici, des séries temporelles) X et Y est définie par :

$$R_{XY}[j] = \sum_{k=-\infty}^{+\infty} X[k] \cdot Y[k+j]$$

. Le coefficient de corrélation normalise la fonction de corrélation, en moyenne et variance.

Cycle gonotrophique Ce cycle correspond à la succession des phénomènes physiologiques qui se produisent chez le moustique entre le repas sanguin et la ponte des oeufs : la recherche de l'hôte et sa piqûre par la femelle à jeun, la digestion du sang qui se déroule dans le même temps que la maturation ovarienne, la recherche du lieu de ponte par la femelle gravide.

Divergence La divergence d'un champ vectoriel \vec{u} défini par trois composantes (u_x, u_y, u_z) s'exprime ainsi : $div(\vec{u}) = \frac{\partial u_x}{\partial x} + \frac{\partial u_y}{\partial y} + \frac{\partial u_z}{\partial z}$.

Endémie Persistance dans une région d'une maladie, qui se manifeste en permanence ou périodiquement.

Endophile Un vecteur est *endophile* s'il demeure quelque temps dans les habitations après s'être gorgé de sang. Par opposition à *exophile* qui concerne les vecteurs qui ne sont rencontrés que dans la nature.

Epidémie Apparition subite et rapide d'une maladie infectieuse à un grand nombre de personnes d'une région.

Exophile Voir *endophile*.

Gradient Le gradient est un opérateur qui s'applique à un champ de scalaires et le transforme en champ de vecteurs. Le gradient indique la direction de la plus grande variation du champ scalaire, et l'intensité de cette variation. $\overrightarrow{gradu} = \overrightarrow{\nabla}u$, avec l'opérateur nabla $\overrightarrow{\nabla} = \left(\frac{\partial}{\partial x}, \frac{\partial}{\partial y}, \frac{\partial}{\partial z} \right)$.

GPS (Global Positioning System) Système de localisation à l'échelle du globe : constellation de satellites dont le système de fonctionnement permet à un utilisateur muni d'un récepteur GPS de déterminer sa localisation, en tout point du globe et en temps réel, avec une précision de quelques mètres.

Hématophage Se dit des insectes qui se nourrissent de sang.

Ig (Immunoglobuline) Nom sous lequel on désigne diverses globulines existant dans le sérum sanguin, douées d'une activité anticorps. Leur rôle est essentiel dans la défense de l'organisme contre les agressions. Il existe cinq classes d'Ig, les IgG, IgA, IgM, IgD et IgE [Garnier et Delamare, 1999].

IHA (Inhibition de l'HemAgglutination) Méthode utilisée pour le diagnostic sérologique des maladies virales.

Incidence Le taux d'incidence est égal au nombre de nouveaux cas pendant une période donnée divisé par le nombre de personnes vulnérables pendant cette période.

Laplacien Le Laplacien d'un champ est égal à la somme des dérivées secondes de ce champ par rapport à chacune des variables. En dimension 2 : $\nabla^2 = \frac{\partial^2}{\partial x^2} + \frac{\partial^2}{\partial y^2}$.

Maladies entériques Ce terme regroupe les diarrhées aiguës infectieuses et les infections intestinales bactériennes, virales ou parasitaires.

NDVI Normalized Difference Vegetation Index ou Indice de Végétation Normalisé (IVN). Cet indice est défini comme le quotient $(PIR - R)/(PIR + R)$ où R et PIR sont des réflectances mesurées dans le rouge et le proche-infrarouge. Il est sensible à l'activité chlorophyllienne de la végétation.

PCR (Polymerase Chain Reaction) Amplification génique. Technique de biologie moléculaire se prêtant à l'automatisation, qui permet, en faisant intervenir une ADN-polymérase, d'augmenter la quantité d'ADN (gène ou fragment de gène) provenant du prélèvement étudié. La séquence amplifiée est comparée à d'autres séquences nucléotidiques conservées dans des banques de données : il est ainsi possible d'identifier une bactérie ou un virus.

Prévalence Nombre de tous les cas de maladies dans une population à un moment donné (prévalence instantanée) ou au cours d'une période donnée, sans distinction du début de la maladie et sans distinction entre les cas nouveaux et anciens, rapporté à l'ensemble des sujets observés.

Radiométrie Science et technique dont le sujet d'étude est le rayonnement électromagnétique.

Rotationnel (analyse vectorielle) L'opérateur "rotationnel" (noté \overrightarrow{rot}) exprime intuitivement la tendance qu'a un champ de vecteurs à tourner autour d'un point ; il transforme un champ de vecteurs en un autre champ de vecteurs : $\overrightarrow{rot} \vec{u} = \vec{\nabla} \wedge \vec{u}$, avec l'opérateur nabla $\vec{\nabla} = \left(\frac{\partial}{\partial x}, \frac{\partial}{\partial y}, \frac{\partial}{\partial z} \right)$. Un champ de vecteur \vec{u} est dit *irrotationnel* si $\overrightarrow{rot} \vec{u} = 0$.

Séroconversion Modification d'une ou plusieurs caractéristiques d'un sérum ; par exemple, apparition (ou disparition) d'un anticorps qui auparavant était absent (ou présent) [Garnier et Delamare, 1999].

Système d'Information Géographique (SIG) Un SIG est un outil informatique permettant le recueil, le stockage, l'intégration, l'analyse spatiale et la restitution de données géoréférencées, c'est-à-dire localisées dans l'espace par leurs coordonnées géographiques. Il permet donc de manipuler et gérer aisément des objets géographiques provenant de sources et de natures différentes.

Taux basique de reproduction (R_0) Le *taux basique de reproduction* d'une infection correspond au nombre d'infections secondaires produites par une première infection dans une population susceptible.

Télédétection (remote sensing) Ensemble des connaissances et techniques utilisées pour déterminer des caractéristiques physiques et biologiques d'objets par des mesures effectuées à distance, sans contact matériel avec ceux-ci [Paul *et al.*, 1997].

Tenseur Les tenseurs permettent de représenter l'état de contrainte et de déformation d'un objet soumis à des forces, d'où leur nom (tensions). Ils sont représentés sous forme matricielle et transforment un vecteur en un autre vecteur, résultat de la déformation.

Théorème de la divergence Le théorème de la divergence (ou théorème de Gauss) dit que le flux d'un champ vectoriel \vec{u} à travers une surface fermée σ est égal à l'intégrale volumique sur V , le volume inclus dans σ , de la divergence de \vec{u} : $\int_V \text{div} \vec{u} dv = \int_\sigma \vec{u} \cdot \vec{n} d\sigma$.

ULV Ultra-Low-Volume. Technique d'application terrestre à très faible volume d'insecticide.

Vecteur Se dit d'un organisme (insecte, notamment), qui transmet un agent infectieux. En particulier, il peut s'agir un arthropode hématophage qui assure la transmission biologique (ou mécanique) active d'un agent infectieux d'un vertébré à un autre vertébré.

RÉSUMÉ

Le travail de thèse vise à modéliser la dynamique spatiale et temporelle d'une maladie à transmission vectorielle comme la dengue, à partir de données environnementales extraites d'images de télédétection.

Un modèle de diffusion, basé sur des données entomologiques et sur des paramètres environnementaux issus d'une image satellitale, est proposé pour décrire la dynamique des moustiques vecteurs de la maladie. Un système d'équations différentielles permet ensuite de décrire les processus de transmission entre les hôtes et les vecteurs. Les modèles de la diffusion de populations d'insectes et de la dynamique de maladies vectorielles sont appliqués sur différents exemples (zones géographiques, insectes vecteurs, maladies) afin d'illustrer et valider la méthode. Un système de surveillance intégrant les outils géomatiques à différents niveaux (recueil des données, analyse, modélisation, aide à la décision) est finalement proposé.

Ce travail est réalisé pour le cas de la dengue en Guyane mais avec la volonté de développer une méthode générique, transposable à d'autres contextes épidémiologiques et géographiques. L'approche développée permet d'envisager de nouvelles applications de la télédétection à l'épidémiologie.

Mots-clés : Épidémiologie, processus de diffusion, modélisation, télédétection, maladies vectorielles, dengue, Guyane française

ABSTRACT

The thesis work aims at modelling the spatial and temporal dynamics of a vector-borne disease such as dengue fever, using environmental data extracted from remote sensing images.

Based on environmental parameters derived from a satellite image, a diffusion model is proposed to describe the propagation of mosquitoes. A set of differential equations subsequently enables the description of the transmission process between host and vector. The models for the diffusion of insects populations and the dynamics of vector-borne disease are applied to different cases (areas, vector insects, diseases) in order to illustrate and validate the method. A monitoring system is finally proposed, integrating geomatic tools at several levels (data acquisition, analysis, modelling and decision support).

This work is carried out in the case of dengue fever in French Guiana, though with the aim to develop a generic method transposable to other epidemiological and geographical contexts. The developed approach makes it possible to foresee new applications of remote sensing to epidemiology.

Keywords : Epidemiology, diffusion process, modelling, remote sensing, vector-borne disease, dengue fever, French Guiana